			*	20	*	40	*	60		
LpCSa	:	GNNTTATAT	TGACGGG		CTTCGCTA	CAGAGGCTATCO	CAATTGAGGA		:	60
-F	•									
			*	80	*	100	*	120		
LpCSa	:	GGCTGAAAC	CAGCTCGT	TTGTTGAGGTC	GCCTACCT	CTTAATGTATGC	GAATTTGCC	CAC	:	120
-										
			*	140	*	160	*	180		
LpCSa	:	CCAGAGTC	AACTGGCAG	GCTGGGAGTTT	GCAATTTC	GCAGCACTCTG	CTGTTCCTCA	AAGG	:	180
						•				
٠.										
; - ~~			*	200	*	220	*	240		
LpCSa	:	ACTCTTGGA	ATATAATAC	CAATCAATGCCT	CATGATGC	CCACCCCATGG	FTGTCCTTGC	CAG	:	240
				260	*	280	*	300		
T = CC =	_	שממא אשמא מ	~ ~			AAACCCTGCTC				300
прсва	•	IGCAAIGAC	3CACAC111	CAGICIICCAI	CCAGAIGC	AAACCCIGCIC.	IAGAGGICA	MGA	•	300
			*	320	*	340	*	360		
LnCSa		тстатаса	AGTCGAAGC		AAGCAAAT	TGTACGAGTTCT	тсссарасс		•	360
_poou	•								•	
			*	380	*	400	*	420		
LpCSa	:	AGTAATAG	CAGCTGCAC	CCTATCTGAGA	TTAGCAGG	AAGGCCCTTTGT	CCTTCCTTC	CAAA	:	420
_										
			*	440	*	460	*	480		
LpCSa	:,	TAATCTCT	CTTATTCAC	GAAAATTTCTTG	TATATGCT	GGACTCTATGG	etgacaaaga	ATTA	:	480
							C.S.			
			*	500	*	520	*	540		- 40
ьрсѕа	:	TAAGCCAA	ATCCCAGAC	JTTGCCCGGGTT	CIGGATGT	CCTTTTTATTC	FTCATGCTGA	AACA	:	540
			•							
			*	560	*	580	*	600		
Incsa		ССАДАТСА	ል ርጥር ርጥር ል ፣		מככר <i>א</i> כר מייי	TGCTTCAAGTG				600
прсьа	•	COLUMNICIA	ACTOCION	ACAGCIGCIGII	1100011001	100110/101010	3101004101		•	000
			*	620	*	640	*	660		
LpCSa	:	CACTGCTC'	TTTCTGGT			TCCACTGCATG			: .	660
-				•						
			*	680	*	700	*	720		
LpCSa	:	GGCGGTAC'	TTAAAATG:	FTAAATGAGATT	GGAAGTGT.	AGAGAATATTC(CGGAATTCAT	FTGA	:	720

2/241

LpCSa	:	* 740 * 760 * 780 GGGAGTGAAGAACAGGAAGCGGAAAATGTCTGGTTTTTGGGCACCGTGTGTATAAGAATTA	:	780
LpCSa	:	* 800 * 820 * 840 TGATCCTCGTGCTAAAGTCATCCGGAAGTTAGCGGAGGAGGTTTTCACGATTGTGGGACG	:	840
LpCSa	:	* 860 * 880 * 900 GGATCCTCTTATCGAGGGTAGCTGTTGCTTTGGAGAAGGCAGCACTGTCAGACGAGTATTT	:	900
LpCSa	:	* 920 * 940 * 960 TATCAAGAGGAAGCTGTATCCAAATGTGGATTTTATTCTGGCCTAATATATAGGGCAAT	:	960
LpCSa	:	* 980 * 1000 *. 1020 GGGATTCCCTACAGAGTTTTTCCCTGTTTGTTTGCAGTTCCTCGCATGGCTGGTTGTT	:	1020
LpCSa	:	* 1040 * 1060 * 1080 AGCACATTGGAAGGAGTCACTTGATGACCCCGACAATAAAATTATGAGGCCCCAACAGGT	:	1080
LpCSa	:	* 1100 * 1120 * 1140 ATACACCGGTACTTGGCTAAGGCATTACACCCCAGTGAGAGAACGGGTGCCATCAAGCGA	:	1140
LpCSa	:	* 1160 * 1180 * 1200 CAGTGAGCAGCTTGGGCAGATCGCTACATCAAACGCGACGAGGCGTCGGCGTGCTGGCTC	:	1200
LpCSa	:	* 1220 * 1240 * 1260 TGCCCTGTAGAACAGTCTGCATGATACAGCATCCACAATAAACCAAGCTGCCA	:	1260
LpCSa	:	* 1280 * 1300 * 1320 AGGGCCACGGCTGCTTAAATCTGGGAGCTGCTATACTTGTGTTATCACGTATATATA	:	1320
LpCSa	:	* 1340 * 1360 * 1380 AATAAACTAATAATGCCGCCAGGACACTTCACTGGTGGTCATGTGAAGTTGGTAGTAGAA	:	1380
LpCSa	:	* 1400 * 1420 * 1440 TGCACTTGTAACGTGTTGTTAATTTGTTATCCTGCAATGTACGCTCTATAAACTGTTCAG	:	1440
LpCSa	:	* 1460 * 1480 * 1500 TATCTTGAAAGTCTTAATCATGTGGACCAATGAAGACATAGATCAAGTTCTTTGCATGGG		1500
I.nCSa		* 1520 * 1540 * CGGCGCTGTTTTTGGGAAAAAACTTTTTTTATGGGAGTCTTTTTTACC - 1550		

FIGURE 1 (cont.)

		* 20 * 40 * 60		
LpCSa	:	YIDGDEGILRYRGYPIEEVAESSSFVEVAYLLMYGNLPTQSQLAGWEFAISQHSAVPQGL	:	60
- .				
		* 80 * 100 * 120		
LpCSa	:	LDIIQSMPHDAHPMGVLASAMSTLSVFHPDANPALRGQDLYKSKQVRDKQIVRVLGKAPV	:	120
*				
		* 140 * 160 * 180		
LpCSa	:	IAAAAYLRLAGRPFVLPSNNLSYSENFLYMLDSMGDKDYKPNPRLARVLDVLFILHAEHE	:	180
		* 200 * 220 * 240		
LpCSa	:	MNCSTAAVRHLASSGVDVFTALSGAVGALYGPLHGGANEAVLKMLNEIGSVENIPEFIEG	:.	240
		* 260 * 280 * 300		
ьрСSа	:	VKNRKRKMSGFGHRVYKNYDPRAKVIRKLAEEVFTIVGRDPLIEVAVALEKAALSDEYFI	:	300
		* . 320 * 340 * 360		
նքCSa	:	KRKLYPNVDFYSGLIYRAMGFPTEFFPVLFAVPRMAGWLAHWKESLDDPDNKIMRPQQVY	:	360
		* 380 * 400		
r CC				
upusa	:	TGTWLRHYTPVRERVPSSDSEQLGQIATSNATRRRAGSAL : 401		

		* 20 * <u>4</u> 0 * <u>60</u>		
LpCSa1	:	GNNTTATATTGACGGGGATGAGGGAATTCTTCGCTACAGAGGCTATCCAATTGAGGAGGT	:	60
LpCSa2			:	-
LpCSa3			:	_
LpCSa4	:		:	
LpCSa4	•		:	_
-	•		•	_
LpCSa6	:		:	_
LpCSa7	:		:	
LpCSa8	:		•	_
		•		
		* 80 * 100 * 120		100
LpCSa1	:	GGCTGAAAGCAGCTCGTTTGTTGAGGTCGCCTACCTCTTAATGTATGGGAATTTGCCCAC	:	120
LpCSa2	:	,,	:	-
LpCSa3	:		:	_
LpCSa4	:		:	_
LpCSa5	:		:	_
LpCSa6	:		:	-
LpCSa7	:		:	_
LpCSa8	:		:	-
.		·		
		* 140 * 160 * 180		
LpCSa1	:	CCAGAGTCAACTGGCAGGCTGGGAGTTTGCAATTTCGCAGCACTCTGCTGTTCCTCAAGG	:	180
LpCSa2	:	GCAGGCTGGGAGTTTGCAATTTCGCA-CACTCTGCTGTTCCTCANGN	:	46
LpCSa3	•		:	_
LpCSa4	•		:	_
LpCSa5	:		:	_
LpCSa6	:		•	_
	•		•	_
LpCSa7	•			_
LpCSa8	:		•	
		* 200 * 220 * 240		
Tagga1		ACTCTTGGATATAATACAATCAATGCCTCATGATGCCCACCCCATGGGTGTCCTTGCCAG	:	240
LpCSa1	•	ACTCTTGGATATAATACAATGATGCCTCATGATGCCCACCCCATGGGTGTCCTTGCCAG	•	106
LpCSa2	•	ACTCTTGGATATAATACAATCAATGCCTCATGATGCCCACCCCATGGCTGTCGTTGGTA		
LpCSa3	:		:	
LpCSa4	:		:	
LpCSa5	:		•	_
LpCSa6	:		•	
LpCSa7	:		:	_
LpCSa8	:		:	-
		* 260 * 280 * 300		
				300
LpCSa1	:	TGCAATGAGCACACTTTCAGTCTTCCATCCAGATGCAAACCCTGCTCTTAGAGGTCAAGA	•	300
LpCSa2	:	TGCAATGAGCACACTTTCAGTCTTCCATCCAGATGCAAACCCTGCTCTTAGAGGTCAAGA	:	166
LpCSa3	:		:	-
LpCSa4	:		:	-
LpCSa5	:		:	-
LpCSa6	:		:	-
LpCSa7	:		:	-
Tingsag			:	-

		*	320	*	340	*.	360	
LpCSa1	:	TCTATACAAGTCGA	AGCAGGTTAGGGA	TAAGCAA	ATTGTACGAGT	TCTTGGGAAGG	CACC:	360
LpCSa2		TCTATACAAGTCGAA	AGCAGGTTAGGGA	TAAGCAA	ATTGTACGAGT	TCTTGGGAAGG	CACC :	226
LpCSa3							:	_
LpCSa4	:						:	_
LpCSa5	:						:	_
	•		•				:	_
LpCSa6	:							
LpCSa7	:							_
LpCSa8	:						:	_
		*	380	*	400	*	420	
LpCSa1	:	AGTAATAGCAGCTG	CAGCCTATCTGAG	BATTAGCA	GGAAGGCC <mark>T</mark> TT	TGTCCTTCCTT	'CAAA :	420
LpCSa2	:	AGTAATAGCAGCTG(CAGCCTATCTGAG	BATTAGCA	GGAAGGCCCTT	TGTCCTTCCTT	'CAAA :	286
LpCSa3	:						:	-
LpCSa4	:						:	_
LpCSa5	:						:	-
LpCSa6	:			- -			:	_
LpCSa7	•			. -			:	_
LpCSa8	•			. – – – – – –			:	_
LPCDUO	•							
		*	440	*	460	*	480	
LpCSa1		TAATCTCTCTTATT		ramama ma		CCCTCACAAAC		480
	•	TAATCTCTCTTATT						346
LpCSa2	•	TAATCICICITATI	CAGAAAATITCI	GIAIAIC	CIGGACICIAI	JAAACJADI DDD.		340
LpCSa3	:							_
LpCSa4	:					· -		-
LpCSa5	:				·			-
LpCSa6	:						:	-
LpCSa7	:							: -
LpCSa8	:							: -
		*	500	*	520 ·	*	540	
LpCSa1	:	TAAGCCAAATCCCA						540
LpCSa2	:	TAAGCCAAATCCCA	GACTTGCCCGGG	I'TCTGGA'I	IGTCCTTTTTA'			: 406
LpCSa3	:	2				NTTNTGCTC	-ACA	: 12
LpCSa4	:						;	: -
LpCSa5	:						:	: -
LpCSa6	:						;	: -
LpCSa7	:						;	: -
LpCSa8	:						;	: -
		*	560	*	580	*	600	
LpCSa1	:	CGAAATGAACTGCT	'CAACAGCTGCTG'	TTAGGCAG	CCTTGCTTCAAC	GTGGTGTCGATC	STCTT	: 600
LpCSa2	:	CGAAATGAACTGCT						: 466
LpCSa3	•	CGAAATGA <mark>N</mark> CTGCT						: 72
LpCSa4								: -
LpCSa5	:							: -
LpCSa6	•							· • -
_	٠							•
LpCSa7	•							•

		*	620	*	640		660	
LpCSa1	:	CACTGCTCTTTCTC	GTGCTGTTGG	AGCTCTATAT	GGTCCACTGC	ATGG <mark>N</mark> GGCGCA	AATGA	: 660
LpCSa2		CACTGCTCTTTCTC						: 526
	•	CACTGCTCTTTCTC						: 132
LpCSa3	•	CACIGCICITICIO	GIGCIGIIGG	AGCICIAIAI	GGICCACIGC	AIGGIGGCGCF	HAIGA	. ,132
LpCSa4	:							: -
LpCSa5	:							: -
LpCSa6	:							: -
LpCSa7	:							: -
LpCSa8	:							: -
		•	680	*	700	•	720	
T = CC=1		NOCCOTA CTT A A 7		CATTCCAACT				: 719
LpCSa1	:	NGCGGTACTT-AAA						
LpCSa2	:	GGCGGTACTTAAA						: 586
LpCSa3	:	GGCGGTACTTAAA	ATGTTAAATGA	GATTGGAAGT	GTAGAGAATA'	TTCCGGAATTC	'ATTGA	: 192
LpCSa4	:							: -
LpCSa5	:						. – – – –	: -
LpCSa6	:		. 					: -
LpCSa7	•							
LpCSa8	:							: _
превас	•							•
		•						
			740		7.60		700	
_ ~~ -		*	740		760		, 780	
LpCSa1	:	GGGAGTGAAGAAC						: 763
LpCSa2	:	GGGAGTGAAGAAC						: 646
LpCSa3	:	GGGAGTGAAGAAC	AGGAAGCGGAA	AATGTCTGG	TTTGGGCACC	GTGTGTATAAC	AATTA	: 252
LpCSa4	:						GA	: 2
LpCSa5	:							: -
LpCSa6								· _
LpCSa7	:							: _
-	•							•
LpCSa8	:							: -
			000		222			
		*	800	*	820	*	. 840	
LpCSa1	:							:
LpCSa2	:	TGATCCTCGTGCT						: 682
LpCSa3	:	TGATCCTCGTGCT	AAAGTCATCC	GAAGTTAGCG	GAGGAGGTTT	TCACGATTGT	GGACG	: 312
LpCSa4	:	TTATCCTCGCGCT	AAAGTCAT-C	G <mark>G</mark> AGTTAGCG	GAGGAGGTTT	TCACGATTGT	GGACG	: 61
LpCSa5	:			GAAGTTAGCG	GAGGAGGTTT	TCACGATTGT	GGACG	: 37
LpCSa6	:							: -
LpCSa7								
LpCSa8	:							:
прсвао	•							•
								•
			860	Ł	880	•	000	
T = 00-1	_	*	000	•	000	•	900	4
LpCSa1	:							: -
LpCSa2	:							: -
LpCSa3	:	GGATCCTCTTATC	GAGGTAGCTGT	TGCTTTGGAG	AAGG <u>u</u> AGCAC	TGTCAGACGA	TATTT	: 372
LpCSa4	:	GGATCCTCTTATC						: 121
LpCSa5	:	GGNTCCTCTTATC						: 97
LpCSa6	:					T <mark>NN</mark> CAGACGA	TTTTATE	: 16
LpCSa7	•					-GTCAGACGA		: 15
T-CC-0	:					3 TOTION COM		

FIGURE 3 (cont.)

		*	920	*	940	*	960	
LpCSa1 :								: -
LpCSa2 :								: -
LpCSa3 :	TATCAAG	AGGAAGCT	GTATCCAAATGT	GGATTTTT	'ATTCTGGCCTA	TATATAG	GGCAAT	: 432
LpCSa4 :			GTATCCAAATGT					: 181
LpCSa5 :			GTATCCAAATGT					: 157
LpCSa6 :			GTATCCAAATGT					: 76
LpCSa7 :			GTATCCAAATGT					: 75
LpCSa8 :								: -
	•	*	980	*	1000	*	1020	
LpCSa1 :								: -
LpCSa2 :								: -
LpCSa3 :			GTTTTTCCCTGT					: 492
LpCSa4 :	GGGATTC	CCTGCAGA	GTTTTTCCCTGT	TCTGTTTG	CAGTTCCTCGC	ATGGCTGG'	TTGGTT	: 241
LpCSa5 :			GTTTTTCCCTGT					: 217
LpCSa6 :			GTTTTTCCCTGT					: 136
LpCSa7 :	GGGATTC	CCTACAGA	GTTTTTCCCTGT	TCTGTTTC	CAGTTCCTCGC	TGGCTGG'	TTGGTT	: 135
LpCSa8 :								: -
						-		
T 00 - 1		*	1040	*	1060	*	1080	
LpCSa1 :								:
LpCSa2 :	2 6 6 2 6 2 6							:
LpCSa3 :			GTCACTTGATGA					: 552
LpCSa4 :			GTCACTTGATGA					: 301
LpCSa5 :			GTCACTTGATGA					: 277
LpCSa6 :			GTCACTTGATGA					: 196
LpCSa7 : LpCSa8 :	AGCACAT	TGGAAGGA	GTCACTTGATGA	CCCCGACA	IATAAAATTATGA	AGGCCCCA.	ACAGGT	: 195
прсьав :								: -
		*	1100	*	1120	*	1140	
LpCSa1 :								
LpCSa2 :								
LpCSa3 :	ATACACC	GGTACTTG	GCTAAGGCATTA	CACCCCAC	TGAGAGAACGG	TGCCATC.	AAGCGA	: 612
LpCSa4 :			GCTAAGGCATTA					: 361
LpCSa5 :			GCTAAGGCATTA					: 337
LpCSa6 :			GCTAAGGCATTA					: 256
LpCSa7 :			GCTAAGGCATTA					: 255
LpCSa8 :								: -
					•			
			1160	*	1180	*	1200	
LpCSa1 :								: -
LpCSa2 :								: -
LpCSa3 :			GCAGATC <mark>A</mark> CTAC					: 672
LpCSa4 :			GCAGATCGCTAC					: 421
LpCSa5 :			GCAGATCGCTAC					: 397
LpCSa6 :			GCAGATCGCTAC					: 316
LpCSa7 :	CAGTGAG		GCAGATCGCTAC					: 315
LpCSa8 :			GCAGATCGCT-C	ATCAAAC(CGAGGCGT(-GGCG,LGC	TGGC,TC	: 45

			*	1220	*	1240	*	1260	
LpCSa1	:								: -
LpCSa2	:								: -
LpCSa3	: TG	CCCTGT	AGAACAG:	TCTGCATGATACA	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC	TGCCA	: 732
LpCSa4	: TG	CCCTGT	AGAACAG:	CTGCATGATACA	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC'	TGCCA	: 481
LpCSa5	: TG	CCCTGT	AGAACAG:	rctgcatgataca	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC'	TGCCA	: 457
LpCSa6	: TG	CCCTGT	AGAACAG:	rctgcatgataca:	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC'	TGCCA	: 376
LpCSa7	: TC	CCCTGT	AGAACAG:	CTGCATGATACA	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC'	TGCCA	: 375
LpCSa8	: TC	CCCTGT	AGAACAG:	CTGCATGATACA	GCATACA	GTCCACACAATAA	ACCAAGC'	TGCCA	: 105
							7.0		
			*	1280	*	1300	*	1320	
LpCSa1	:								: -
LpCSa2	5.0								:
			GGCTGCT					TT 000	: 753
LpCSa4						CTTGTGTTATCAC			: 541
LpCSa5						CTTGTGTTATCAC			: 517
LpCSa6						CTTGTGTTATCAC			: 436
LpCSa7						CTTGTGTTATCAC			: 435
LpCSa8	AC	GGCCAC	GGCTGCT"	I'AAA'I'C'I'GGGAGC	TGCTATA	CTTGTGTTATCAC	3TATATA	TAGGC	: 165
			*	1340	*	1360	*	i380	
LpCSa1									
LpCSa2	•								· _
LpCSa3									: -
LpCSa4	Δ7	TAAACT	AATAATG	CCGCCAGGACACT	TCACTGG	TGGTCATGTGAAG	TTGGTAG	TAGAA	: 601
LpCSa5						TGGTCATGTGAAG'			: 577
LpCSa6						TGGTCATGTGAAG'			: 496
LpCSa7						TGGTCATGTGAAG'			: 495
LpCSa8						TGGTCATGTGAAG'			: 225
_pocao					10.10100	200201120201110	11001110		. 223
			*	1400	*.	1420	*	1440	
LpCSa1	:								: -
LpCSa2	:								: -
LpCSa3	:								:
LpCSa4	: TO	GCACTTG	TAACGTG'	TTGTTAATTTGTT	ATCCTGC	AATGTACGCTCTA'	TAAACTG	TTCAG	: 661
LpCSa5	: TO	GCACTTG	TAACGTG'	TTGTTAATTTGTT	ATCCTGC	AATGTACGCTCTA'	TAAACTG	TTCAG	: 637
LpCSa6	: TO	GCACTTG	TAACGTG'	TTGTTAATTTGTT	ATCCTGC	AATGTACGCTCTA'	TAAACTG	TTCAG	: 556
LpCSa7						AATGTACGCTCTA'			: 555
LpCSa8	: T	GCACTTG	TAACGTG	TTGTTAATTTGTT	ATCCTGC	AATGTACGCTCTA	TAAACTG	TTCAG	: 285
			*	1460	*	1490	*	1500	
LpCSa1				1460 		1480	- 	1500	
LpCSa1									
LpCSa2									
LpCSa4	. In	ТСТТСА	AAGTCTT	AATCATGTGGACC	AA-GAAG	ACATAGATCAAGT	тстттсе	ATGGG	: 720
		ATCTTGA	AAGTCTT	ANTCCNNNNA AAA	Δ				: 666
LpCSa5		ΔT	AAGTCTT	AATCATGTGGACC	AA-GAAC	ACATAGATCAAGT	тстттсе	ATGGG	: 615
LpCSa7		Δ TCTTCA	AAGTCTT	AATCATGTGGACC AATCATGTGGACC	AATCAAA	AAAAAAA			: 597
LpCSa7		Δ TCTTCA	AAGTCTT	AAAAAAAA					: 310
Lycoao				The second second					

			*	1520	*	1540	*	
LpCSa1	:						:	: -
LpCSa2	:						:	; -
LpCSa3	:						:	; -
LpCSa4	:	CGGCGGCTC	TTTTCTT	rgg <mark>n</mark> aaaaaa			:	: 745
LpCSa5	:						:	: -
LpCSa6	:	CGGCGGCTC	TTTTCTT:	igtgtttcctctt	TTTATGG	GAGTCTTTTTTAC	CC :	: 665
LpCSa7	:						:	: -
LpCSa8			- 					

LpCSb	:	* CTTCTCCCTGTN	20 ACTGCTCTCCAAT	* 'GACACAGTT	40 TACCACTGGA	* GTGATGGCAC	60 TCCAAG	: 60
LpCSb	:	* TTGAGAGTGAAT	80 TTGCAAAGGCTTA	* TGAGAAGGG	100 AATTCATAAA	* FCAAAGTTCT	120 GGGAGC	: 120
LpCSb	:	* CTACATATGAAG	140 ATAGCTTAAATTI	* GATTGCTCG	160 GCTTCCACAA	* GTGGCTTCAT	180 ATGTTT	: 18
LpCSb	:	* ACCGGAGAATTI	200 TCAAGGACGGGAA	* .AACTATTGC	220 AGCTGATAAT	* ACACTGGACT	240 ACGCAG	: .24
LpCSb	:	* CTAATTTTCAC	260 ACATGCTTGGTTT	* TGATGACCC	280 CAAAATGCTG	* GAGTTGATGC	300 GCCTAT	: 30
LpCSb	:	* ACATAACAATTO	320 PACACTGATCACGA	* AGGAGGGAA	340 TGTTAGTGCT	* CATGCTGGGC	360 ATCTGG	: 36
LpCSb	:	* TTGGAAGTGCTC	380 CTGTCAGATCCTT	* \TCTTTCTTI	400 TGCAGCGGCA	* CTGAACGGTT	420 TAGCTG	: 42
LpCSb	:	* GACCACTGCACG	440 GCTTGGCTAATCA	* AGGAAGTGTT	460 GTNATGGATC	* AAATCTGTGA	480 TGGAAG	: 48
LpCSb	:	* AAACCGGGAGTA	500 AACATTACAACTGA	* ATCAGCTTAF	520 AGAATATGTT	* TGGAAGACAC	540 TGAAGA	: 54
LpCSb	:	* GTGGAAAGGTTC	560 FTTCCTGGCTATGO	* FTCATGGAGT	580 TCTACGTAAT	* ACAGATCCAC	600 GATACT	: 60
LpCSb	:	* CGTGCCAAAGG	620 BAGTTTGCACTGA <i>I</i>	* \GTATTTACC	640 CGAAGACCCA	* CTTTTCCAAC	660 TGGTCT	: 66
LpCSb	:	* CCAAGTTGTAC	680 BAAGTTGTGCCTCC	* CTATCCTCAC	700 CCGAGTTAGGC	* AAGGTAAAAA	720 ACCCAT	: 72
LpCSb	:	* GGCCTAATGTTC	740 SATGCTCACAGTGO	* GAGTTTTGCT	760 CCAACCACTTC		780 AAGCAC	: 78
てってらり		* CGTACTACACT	800 3TCTTGTTCGGCG	* ୮୯ፕ୯ ৯ ል፡፡፡፡፡፡፡	820 Сатсесаатт	* GGATCTCAGC	840 TTCATT	: 84

11/241

LpCsb : GGGACCGTGCCTCGGCCTGCACTTGAAAGACCGAAGAGTGTCACCATGGAGTGGCTGG : 900

LpCsb : AAAACCACTGCAAGAAGGCTGCGGCTGAAGCTACACCAATGCTTCGTTTTACAAATCAG : 960

LpCsb : GCCGTCTTTGATGTTAATAATGACTGAGCATAAGTTAGGCATGGTTAGCCTTGTTTTACC : 1020

LpCsb : ATCTTCGTTTTCCTGGCCAATAACTGGAGCAAGAGGCTCACAGACGGTAGAATTTTGTAA : 1080

LpCsb : CCACCGNTACTTGAACACCGAATCANTTAAATGTCATTTGGCATAAAGAGATTAGGACAT : 1140

LpCsb : GACACATAAGTTTTATGTGTCGCTCGG : 1167

			*	20	*	40	*	60		
LpCSb	:	SPCXCSPMT	QFTTGVMA	LQVESEFAKAYI	EKGIHKSKE	WEPTYEDSLNL	IARLPQVAS	YVY	:	60
LpCSb	:		* IAADNTLD	80 YAANFSHMLGFI	* ODPKMLELM	100 KRLYITIHTDHE	* GGNVSAHAO	120 GHLV	:	120
LpCSb	:	GSALSDPYL		140 LAGPLHGLANQI	* EVLXWIKSV	160 MEETGSNITTD	* QLKEYVWK	180 TLKS	:	180
LpCSb	:	GKVVPGYGH		200 RYSCQREFALK	* YLPEDPLF(220 OLVSKLYEVVPP	* ILTELGKVI	240 KNPW	:	240
LpCSb	:	PNVDAHSGV	* LLNHFGLV	260 EARYYTVLFGV:	* SRSMGIGS(280 QLIWDRALGLPL	* ERPKSVTM	300 EWLE	:	300
LnCSb	:	NHCKKAAA	: 308							

		* 20 * 40 * 60		
LpCSb1		CTTCTCCCTGTNACTGCTCTCCAATGACACAGTTTACCACTGGAGTGATGGCACTCCAAG	:	60
LpCSb2			:	
LpCSb3	:		:	_
LpCSb4	:		:	_
Theopa	•			
		* 80 * 100 * 120		
LpCSb1	:	TTGAGAGTGAATTTGCAAAGGCTTATGAGAAGGGAATTCATAAATCAAAGTTCTGGGAGC	:	120
LpCSb2	:		:	-
LpCSb3	:		:	-
LpCSb4	:		:	-
		* 140 * 160 * 180		
LpCSb1		CTACATATGAAGATAGCTTAAATTTGATTGCTCGGCTTCCACAAGTGGCTTCATATGTTT		180
LpCSb1		CIACMINIONACTIMENTITICATIOCICCOCCITOCICCENTICICITATIO		
LpCSb3	:		:	_
LpCSb4	•		:	_
-				
		* 200 * 220 * 240		040
LpCSb1	:	ACCGGAGAATTTTCAAGGACGGGAAAACTATTGCAGCTGATAATACACTGGACTACGCAG	:	240
LpCSb2	:		:	
LpCSb3 LpCSb4	:		:	-
Theona	•		•	
. 0		* 260 * 280 * 300		
LpCSb1	:	CTAATTTTCACACATGCTTGGTTTTGATGACCCCAAAATGCTGGAGTTGATGCGCCTAT	:	300
LpCSb2	:		:	-
LpCSb3	:		:	-
LpCSb4	:		:	-
		* 320 * 340 * 360		
LpCSb1	:	ACATAACAATTCACACTGATCACGAAGGAGGGAATGTTAGTGCTCATGCTGGGCATCTGG	:	360
LpCSb2	:		:	-
LpCSb3	:		:	-
LpCSb4	:		:	-
		* 380 * 400 * 420		
LpCSb1		TTGGAAGTGCTCTGTCAGATCCTTATCTTTCTTTTGCAGCGGCACTGAACGGTTTAGCTG	•	420
LpCSb2	:	1100AAGIGCTCTGTCAGATCCTTATCTTTTGCAGCGGCAGTCAAAGGGTTTACGTC	:	
LpCSb3	:		:	_
LpCSb4	:		:	-
<u>.</u>				
		* 440 * 460 * 480	ь.	400
LpCSb1	:	GACCACTGCACGGCTTGGCTAATCAGGAAGTGTTGT <mark>T</mark> ATGGATCAAATCTGTGATGGAAG TNATGGAT <mark>-N</mark> AATCTGTGATGGAAG	:	480
LpCSb2	:		•	24
LpCSb3	:		•	_

			*	500	*	520	*	540		
LpCSb1	:	AAACCGGG	AGTAACAT	TACAACTGATCA	AGCTTAAAG	AATATGTTTGGA	AGACACTG	AAGA	:	540
LpCSb2	:	-AACCGGG	AGTAACAT	TACAACTGATCA	GCTTAAAC	AATATGTTTGGA	AGACACTG	AAGA	:	83
LpCSb3	•							AAGA	•	7
LpCSb4										
прсорт	•								•	_
				560						
			, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	560		580	ж	600		
LpCSb1	:					CTACGTAATACAG			:	600
LpCSb2	:					TACGTAATACAG			:	143
LpCSb3	:	GTGGAAAG	GTTGTTCC	TGGCTATGGTCA	ATGGAGTTC	TACGTAATACAG	ATCCACGA	TACT	:	67
LpCSb4	:								:	_
			*	620	*	640	*	660		
LpCSb1	:	CGTGCCAA	AGGGAGTT	TGCACTGAAGT	ATTTACCIO	BAAGACCCACTTI	TCCAACTG	GTCT	:	660
LpCSb2	:	CGTGCCAA	AGGGAGTT	TGCACTGAAGTA	ATTTACCCG	BAAGACCCACTTI	TCCAACTG	GTCT	:	203
LpCSb3	:	CGTGCCAA	AGGGAGTN	G MACTGAAGTA	ATTTACCC	BAAGACCCACTTT	TCCAACTG	GTCT	:	127
LpCSb4	:								:	_
-										
			*	680	*	700	*	720		
LpCSb1	:	CCAAGTTG	TATGAAGT	TGTGCCTCCTAT	CCTCACT	BAGTTAGGCAAGG	TAAAAAAC	CCAT	:	720
LpCSb2	:	CCAAGTTG	TACGAAGT	TGTGCCTCCTAT	CCTCACC	GAGTTAGGCAAGG	TAAAAAAC	CCAT	:	263
LpCSb3	:	CCAAGTTG	TACGAAGT	TGTGCCTCCTAT	CCTCACCO	BAGTTAGGCAAGG	TAAAAAAC	CCAT	:	187
LpCSb4	:								:	
-										
			*	740	*	760	*	780		
LpCSb1	:	GGCCTAAT	GTTGATGC	TCACAGNGGAGT	TTTTGCTC#	ACCACTTCGGAT	TAGTTGAA	-CAC	:	779
LpCSb2						ACCACTTCGGAT				323
LpCSb3						ACCACTTCGGAT				247
LpCSb4									:	24,
TP COD I	·								•	
						•				
			*	800	*	820	*	840		
LpCSb1		GGNACTAC	CACTGNCTT							802
LpCSb2					TAAGGAGCZ	ATGGGAATTGGAT	CTCACCC	י אַ יייייי אַ	:	383
LpCSb3	:					ATGGGAATTGGAT			:	307
LpCSb4	:	GOINCIAC	ACIGICII		CHACCACCA	GTTTTTGGAT			•	
The Spa	•					GIII	CCAGCIC	ATTT	•	22
			*	860	*	880	*	900		
LpCSb1										_
LpCSb2		GGGACCGT	GCCCTCGG	CCTGCCACTTG	AAGACCG	AAGAGTGTCACCA	TGGAGTGG	CTGG	:	443
LpCSb3	:					AGAGTGTCACCA			:	367
_	:					AAGAGTGTCACCA			•	
LpCSb4	•	2001000	-9000100	CCIGCCACIIGA	ALECE ACCUSE	ANGAGIGICACCA	T-GGAGT.GC	CIGG	•	82
			*	920	*	940	*	960		
LpCSb1	•		. 							_
LpCSb2		AAAACCAC	TGCAAGAA	GGCTGCGGCCTC	GAAGCTAC	ACCAATGCTTCGT	ΤΤΤΑΟΔΑ	TCAG		503
LpCSb2	:					ACCAATGCTT <mark>N</mark> GT				427
Tacapa	:					ACCAAIGCII <u>M</u> GI ACCAATGCTTTCCI		-	:	140

1 -			*	980	*	1000	*	1020	
LpCSb1 LpCSb2	:	CCCCTCTT	TGATGT	TAATAATGACT	GAGCATAA	GTTAGGCATGG:	TAGCCTTG	TTTTACC	563
LpCSb3						GTTAGGCATGG			487
LpCSb4	:					GTTAGGCATGG			202
			*	1040	*	1060	*	1080	
LpCSb1	:							:	-
LpCSb2	:					AGGCT <mark>T</mark> ACAGA(623
LpCSb3	:					AGGCTCACAGA			547
LpCSb4	:	ATCTTCGT	TTTCCT	GGCCAATAACI	GGAGCAAG	AGGCTCACAGA	CGGTAGAAT'	TTTGTAA :	. 262
			*	1100	. *	1120	*	1140	
LpCSb1	:							:	-
LpCSb2	:					TCATTTGGCAT			683
LpCSb3	:					GN <mark>ATTTGGCAT</mark>			606
LpCSb4	:	CCACCGT	'ACTTGA	ACACCGAATCA	GTTAAATG	TCATTTGGCAT	AAAGAGATTI	AGGACAT :	322
			*	1160 .					
LpCSb1	:				<u></u> : -				
LpCSb2	:			ATGTGNCGNT(
LpCSb3	:			ATGTGTCGCT					
LpCSb4	:	GACACATA	AGTTTT	ATGTGTCGCTC	GA : 349				

			*	20	*	40	*	60		
LpCSc	:	TCNCCGTGG	CCANAATN	CCCCANCATTCA	AATACCGC	CCCGTCAGCCA	CCAATCCTCO	CTAC	:	60
LpCSc	:	CTTCTTATT	* TCCACCC	80 AACCGCCAACA	* ATGTGTCCT	100 FCCCACCGAAN	* AAACACCTGO	120 CTAC	:	120
LpCSc	:	CAACGGCCA	* .TAGCAACG	140 GCACCAACGGCG	* CCAATGG	160 CTCCAAGGAAG	* GCTTCACAGO	180 GCGT	:	180
LpCSc	:	CACGACCAG	* ACAGAACO	200 CTCACCCTACAC	* !ACAAGAG	220 CCCATATGCAC	* CTGTTGGCG	240 ACTT	:	240
LpCSc	:	TTTGTCAAA	* \TGTCGGCC	260 GCTTCAAGATTA	* \TCGAGAG	280 CACATTAAGAG	* BAGGĢCGAGCI	300 ATT	:	300
LpCSc	:	CGCCAACGC	* CTACTTCG	320 ACCTTGAGGCTA	* \AAATCAA(340 GATCGCCAGAG	* CTCTCGACA	360 ACTT	:	360
LpCSc	:	TGGTGTTGA	* \CTACATTG	380 BAAGTTACCAGCO	* CCTGCTGC	400 CTCTGAGCAGI	* 'CAAGAAGGG	420 ACTG	:	420
LpCSc	:	CGAAGCCCT	* CTGCAAGO	440 CTCGGATTGAAAC	* GCCAAGATO	460 CCTTACCCACG	* FTACGATGCC	480 ACAT	:	480
LpCSc	:	GGACGATGO	* CCAGAATC	500 CTGTCGAGACTC	* GTGTTGA	520 CGGCCTCGATG	* TCGTCATTGO	540 GAAC	:	540
LpCSc	:	CTCTGCGT	* ACCTCCGCG	560 GAGCACAGCCATO	* GCAAGGA	580 CATGACATACA	* ATCAAAAACA	600 CAGC	:	600
LpCSc	:	GCTGGAGGT	* CGATTGAG1	620 PTTGTCAAGAGC	* AAGGGAN	: 635				

		*	20	*	40	*	60		
LpCSc	:	XRGXNXPXFKYRPS	ATNPPTFLFPI	PQPPNMCPPTI	EXTPATNGHS	ngtngangski	EGFTGV	:	60
LpCSc	:	* TTRQNPHPTHKSPY	80 APVGDFLSNVO	* GRFKIIESTLE	100 REGEQFANAY	* FDLEAKIKIAF	120 RALDNF	:	120
LpCSc	:	* GVDYIEVTSPAASE	140 QSRRDCEALCI	* KLGLKAKILTI	160 IVRCHMDDAR	* IAVETGVDGLI	180 OVVIGT	:	180
LnCSc		*	200 VTKNTALEVII	EFVKSKG · 2)11				

18/241

			*	20	*	40	*	60		
LpCsd	:	GTGNTATGG	CNCANCCA	GNANTCCTNCGT	NCTGGCT	ICCANANNAGI	NAANAAGCTA'	rcgg	:	60
			4	80		100	+	120		
Twcsd		СУУССУССТ	· የሮልGCGAጥር	AGGCCATCAAGC	FACTACCTO		 CTCAAGGCTG(•	120
Брора	•	Cra iconico.	. 0.10001110						•	
_			*	140	*	160	*	180		
LpCSd	:	AGTCGTTCC	CGGTTACG	GACACGCCGTTC	CTCCGCAAC	BACCGACCCC	CGCTACGTCT	CCCA	:	180
				•						
			*	200	*	220	*	240		
LpCSd	:	GCGCGAGTT	CGCCCAGA	AGCACCTTCCC	BACGACCC	ATGTTCAAG	CTCGTCAGTC		:	240
•										
			_							
T CC -2		GMD GD 2 G2 G	*	260 GTGTTCTCACC	* ~~~~~~~~	280	* *	300		200
ърсѕа	:	CTACAAGAT	regeeere	GIGITCTCACCC	BAGCACGG	JAAGACCAAG.	AACCCCTACC	CCAA	:	300
			*	320	*	340	*	360		
LpCSd	:	CGTCGACG	CCCACTCC	GTGTCCTCCTC	CAGTACTA	CGGCCTCACT	GAGCAGAACT	ACTA	:	360
		•								
			*	380	*	400	*	420		
ImCSd		САСССТТСТ	·· rcttcggtg	TATCCCGTGCG			CTTATCATTG		:	420
Lpcoa	•	0.1000110							-	
•										
			*	440	*	460	*	480		
LpCSd	:	TGCCGTCGC	3TGCCCCC#	ATTGAGAGGCCC	AAGTCTTT	CAGCACTGAG	GCTTACGCCA	AGTT	:	480
			*	500	*	520	*	540		
LpCSd	:	GGTTGGTG	CTAAGTTGT	TAAGCGCGTTAC	rgcaacgt(GCTCTACAGC	CAGGAGAATG	TGGA	:	540
				FCO	•	580	•	600		
Twcsq.		GGAATTTG	᠃ ᠃᠃᠘᠘ᡎᠬ	560 CAGAGATACCT	 FGTCCTGT		AATGTAAGGA		•	600
_pcou	•								•	
			*	620	*					
LpCSd	:	GAATGGGA	GCGTTACG(CGCTACATCAC	PACATTTN	: 636				

		*	20	*	40	*	60		
LpCSd	:	XYGXXXXPXXWXE	XXXXAIGNDLSI	QAIKDYLWST	TLKAGQVVPG	YGHAVLRKTD	PRYVSQ	:	60
		*	80	*	100	*	120		
LpCSd	:	REFAQKHLPDDPM		GVLTEHGKT		SGVLLQYYGL		:	120
•									
			140	*	160				
		•							
LpCSd	:	TVLFGVSRALGVI	.PQLIIDRAVGAI	PIERPKSFSTE	EAYAKLVGAK	L : 165			

20/241

LpMDHa	:	* 20 * 40 * 60 GGTTGGTTGCTGGTATCACCATTCTGCCCTGTTCTCACAGGCAACTCCTTCGACTAATGC:	60
LpMDHa	:	* 80 * 100 * 120 ATTGTCTAGTGAAGACATCAAGGCTCTCACCAAGAGGACACAGGAGGGTGGGACAGAAGT :	120
LpMDHa	:	* 140 * 160 * 180 TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGCGCAGT:	180
LpMDHa	:	* 200 * 220 * 240 TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGCTCCTA :	240
LpMDHa	:	* 260 * 280 * 300 CGTGCAATCAACTATCACAGAACTGCCATTCTTTGCCTCCAAGGTGAGGCTCGGGAAGAA :	300
LpMDHa	:	* 320 * 340 * 360 TGGAGTCGAGGAAGTGCTTGGTTTGGGTGAGCTGTCGGCCTTTGAGAAGGAAG	360
LpMDHa	:	* 380 * 400 * 420 AAGTCTCAAGGGTGAGCTCAAGTCTTCAATTGACAAGGGCATCGCGTTCGCCAATGCGAG :	420
LpMDHa	:	* 440 * 460 * 480. TTAATTAATTTTGCAGATTATAGCAAACCAGGTCTAGTTAAGGGGTCTGTTTTTGACTTT :	480
LpMDHa	:	* 500 * 520 * 540 TTGTTCAGTGCTTTTTCTGCCCATCACGTGGGCATGGAAGATTTGAGCTTCACAATAAAA :	540
LpMDHa	:	* 560 * 580 * 600 ATCCGGCGGCGTAATGCCACAGAACATTACTTGTACAAGAGGGAACTAGTTCGTGTCAAG :	600
LpMDHa	:	* 620 * 640 * 660 TTTTGAACTGGTACATTAAACGAACAATTGCTGATGCACTTTGAGAAAAAAAA	660
LpMDHa	:	* 680 * GTGANTCCATTGGCCTCAAGCCAAAAAAAAAAAA : 696	

21/241

LpMDHa	:	* VGCWYHHSALFSQAT	20 PSTNALSSEDIE	* KALTKRT	40 QEGGTEVVEAK	* AGKGSATLS	60 SMAYAGAV	:	60
LpMDHa	:	* FGDACLKGLNGVPDI	80 VECSYVQSTITE	* ELPFFAS	100 KVRLGKNGVEE	* VLGLGELSA	120 AFEKEGLE	:	120
		*	140						

LpMDHa : SLKGELKSSIDKGIAFANAS : 140

		320		240			
LpMDHa1	: TGGAGTCGAGGAAGT		*	340	*	360	
LpMDHa2	: TGGAGTCGAGGAAGT	CCTIGGITIGG		CGGCCTTTGAC	AAGGAAGGT	TTGGA :	360
LpMDHa3	TGGAGTCGAGGAAGT	COMMOCAMMACA	TEGAGCIGI	CGGCCTTTGAG	AAGGAAGGT	TTGGA :	359
LpMDHa4	TGGAGTCGAGGAAGT		FIGAGCIGI	CGGCCTTTGAC	AAGGAAGGT	TTGGA :	359
LpMDHa5	TGGAGTCGAGGAAGT	GC11GG111GG(TGAGCTG1	CGGCCTTTGAG	AAGGAAGGT	TTGGA : 3	356
LpMDHa6	: TGGAGTCGAGGAAGT	GCTTGGTTTGG(FIGAGCIGI	CGGCCTTTGAK	AAGGAAGGT	TTGGA : 2	257
LpMDHa7	TGGAGTCGAGGAAGT	CCTTGGTTTGG(TGAGCTGT	CGGCCTTTGAG	AAGGAAGGT	TTGGA :	
приппа /	TGGAGTCGAGGAAGT	GCIIGGIIIGG	TGAGCTGT	CGGCCTTTGAG	AAGGAAGGT	TTGGA :	62
	*. 380	*	400	*	420.		
LpMDHa1	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC		AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG .	120
LpMDHa2	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC	AATTGACA	AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG :4	119
LpMDHa3	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC	CAATTGACA	AGGGCATCGCG	TAASSOSST	GCGAG :4	119
LpMDHa4	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC	AATTGACA	AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG · 4	116
LpMDHa5	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC	AATTGACA	AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG :	317
LpMDHa6	: AAGTCTCAAGGGTGA	GCTCAAGTCTTC	AATTGACA	AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG · 1	137
LpMDHa7	: AAGTCTCAAGGGTGA	GÑTCAAGTCTTC	AATTGACA	AGGGCATCGCG	TTCGCCAAT	GCGAG · 1	L22
•		17.8					
	•						
	*	440	*	460	*	480	
LpMDHa1	: TTAATTAATTTTGCA	GATTATAGCAA <i>F</i>	ACCAGGTCT	AGTTAAGGGGT	CTGTTG	TYPF :4	175
LpMDHa2	: TTAATTAATTTTGCA	GATTATAGCAAA	ACCAGGTCT	AGTTAAGGGGT	CTGTTG	IIIII :4	174
LpMDHa3	: TTAATTAATTTTGCA	GATTATAGCAAA	ACCAGGTCT	AGTTAAGGGGT	CTG TTG	11111 : 4	174
LpMDHa4	: TTAATTAATTTTGCA	GATTATAGCAAZ	CCAGGTCT	AGTTAAGGGGT	CTGTTG	NOT :4	171
LpMDHa5	: TTGATTAAATTTTGCA	GATTATAGCAA	CCAGGTCT	AGTTĢAGGGGT	CTGTTTTTG	ACTTT :3	377
LpMDHa6	: TTGATTAAATTTGCA	GATTATAGCAA	CCAGGTCT	AGTTGAGGGGT	CTGTTTTTG.	ACTTT :1	L 97
LpMDHa7	TTĠATTAA	GATTATAGCAAA	CCAGGTCT	AGTT <u>G</u> AGGGGT	CTGTTTTTG.	ACTTT :1	L82
	*	500	*	520		540	
LpMDHa1	: TTGTTCAGTGCTTTT		GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	CCTTCACAA	TAAAA .5	35
LpMDHa2	: TTGTTCAGTGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	CCTTCACAA CCTTCACAA		334
LpMDHa3	: TTGTTCAGTGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	CCTTCACAA CCTTCACAA		34
LpMDHa4	TTGÑTCAÑÑGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGÑGCAT	GÑAAGATTTGA	GCTTÑACAÑ	rakinin .s	31
LpMDHa5	: TTGTTCAGNGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	GCTTCACAA		37
LpMDHa6	: TTGTTCAGTGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	GCTTCACAA'	כ. מממק	257
LpMDHa7	: TTGTTCAGTGCTTTT	TCTGCCCATCAC	GTGGGCAT	GGAAGATTTGA	GCTTCACAA		42
					00110111	. 2	
T 347777 -	*	560	*	580	*	600	
LpMDHa1	ATCCGGCGGCGTAAT	GCCACAGAACAT	TACTTGTA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGTG'	ICAAG :5	95
LpMDHa2	ATCCGGCGGCGTAAT	GCCACAGAACAT	"PACTTGTA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGTG'	CAAG :5	94
LpMDHa3	ATCCGGCGGCGTAAT	GCCACAGAACAT	TACTTGTA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGTG'		94
LpMDHa4	ATNCENGEGCGNN					:5	44
LpMDHa5	ATCCGGCGGGGTAAT	GCCACANAACAT	TACTTGGA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGGG	INAAG :4	97
LpMDHa6	ATCCGGCGGGGTAAT	GCCACAGAACAT	TACTTGTA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGTG'	rcaag :3	17
LpMDHa7	ATCCGGCGGCGTAAT	GCCACAGAACAT	TACTTGTA	CAAGAGGGAAC	TAGTTCGTG'	CAAG : 3	02

		* 20 * 40 *	60	
LpMDHa1	:	GITTGGTTGCTGGTATCACCATTCTGCCCTGTTCTCACAGGCAACTCCTTCGACT		:. 60
LpMDHa2	:	-GETGGTTGCTGGTATCACCATTCTGCCCTGTTCTCACAGGCAACTCCTTCGACT	TAATGC	: 59
LpMDHa3	:	-GTGGITGTGCTGGTATCACCATTCTGCCCTGTTCTCACAGGCAACTCCTTCGACT	TAATGC	: 59
LpMDHa4	:	GGTTGCTGGTATCACCATTCTGCCCTGTTCTCACAGGCAACTCCTTCGACT	AATCC	: 56
LpMDHa5		SOTISCISCIFICACE ITCICACE CARCICETICO ACT	AAIGC	: 56
LpMDHa6	:			• -
LpMDHa7	:			: -
Lpribite,	•			: -
		•		
		* 80 * 100 *	120	
LpMDHa1		ATTGTCTAGTGAAGACATCAAGGCTCTCACCAAGAGGACACAGGAGGGTGGGACA	CAACT	:120
LpMDHa2	:	ATTGTCTAGTGAAGACATCAAGGCTCTCACCAAGAGGACACAGGGGGGGG	CAACT	:119
LpMDHa3		ATTGTCTAGTGAAGACATCAAGGCTCTCACCAAGAGGACACAGGGGGGGG	CAACT	:119
LpMDHa4		ATTGTCTAGTGAAGACATCAAGGCTCTCACCAAGAGGACACAGGGGGGGG	CAACT	:116
LpMDHa5				: 17
LpMDHa6	:	GAGGG I GGGACA	GAAGI	: 1/
LpMDHa7	:			: -
Dpi Dila /	•		;	: -
		* 140 * 160 *	180	
LpMDHa1	:	TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGC		:180
LpMDHa2	:	TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGC	CCACT	:179
LpMDHa3	:	TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGC	CCACT	:179
LpMDHa4	:	TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGC	GCAGT	:176
LpMDHa5	:	TGTTGAGGCAAAGGCTGGAAAGGGATCTGCAACCTTGTCCATGGCGTATGCTGGC		: 77
LpMDHa6	:		CGSCS	. //.
LpMDHa7	:			
•	-	ed.	•	•
		* 200 . * 220 *	240	
LpMDHa1	:	${\tt TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGC}$	TCCTA	:240
LpMDHa2	:	TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGC	TCCTA	:239
LpMDHa3	:	${ t TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGC}$	TCCTA	:239
LpMDHa4	:	TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGC	TCCTA	:236
LpMDHa5	:	TTTTGGTGATGCATGCTTGAAGGGTCTGAACGGAGTTCCTGACATTGTTGAATGC		:137
LpMDHa6	:			
LpMDHa7	:			
		* 260 * 280 *	300	
LpMDHa1	:	CGTGCAATCAACTATCACAGAACTGCCATTCTTTGCCTCCAAGGTGAGGCTCGGG	AAGAA	:300
LpMDHa2	:	CGTGCAATCAACTATCACAGAACTGCCATTCTTTGCCTCCAAGGTGAGGCTCGGG	AAGAA	:299
LpMDHa3	:		AAGAA	:299
LpMDHa4	:	CGTGCAATCAACTATCACAGAACTGCCATTCTTTGCCTCCAAGGTGAGGCTCGGG	AAGAĄ	:296
LpMDHa5	:	TGTGCAATCAACTATCACAGAACTGCCATTCTTTGCCTCCAAGGTGAGGCTCGGG		:197
LpMDHa6	:	GTĀĀĞGCTCGGĀ	MAGAA	: 17
LpMDHa7	:		AA	: 2

			*	620	*	640	*	660	
LpMDHa1	:	TTTTGAA	CTGGTAC	CATTAAACGA	ACAATTGCT	GATGCACTTTGA	GAAAAAAA	M	:650
LpMDHa2	:	TTTTGAA	CTGGTAC	CATTAAACGA	ACAATTGCT	GATGCACTTTGA	GAAAAAAAA	/ÿ	:649
LpMDHa3	:	TTTTGAA	CTGGTAC	CATTAAACG	ACAATTGCT	GATGCACTTTGA	GAAAAAAAA	<u> </u>	:649
LpMDHa4									: -
LpMDHa5	:	TTTTGAA	CTGGMA	CATTAAACA	ACCAATTGTT	en GCGGCHTHEN	GAACCG C CC	TTGGGG	:557
LpMDHa6	:	TTTTGAA	CTGGTA	CATTAAACG	ACAATTGIT	GATGCACTTTG	GAACCGTCC'	TTGGTG	:377
LpMDHa7	:	TTTTGAA	CTGGTA	CATTAAACG	ACAATTGTT	GAAAAAAAAA			:345
			,						
			*	680	*				
LpMDHa1	:					: -			
LpMDHa2	:					: -			
LpMDHa3	:					: -			
LpMDHa4	:					: -			
LpMDHa5	:	GTGANTO	CATTGGI	(CTNAAGCC)	AAAAAAAA	: 589			
LpMDHa6	:	TTGATT	CATTG	TTCAAGIT	AACGAANAAÑ	AAAA .: 413			

25/241

LpMDHb	:	* TTTGGTNCTTTTGCCG	20 AGCGAGAAAGCT(* GTTCGGTG'	40 FCACCACCCTTG	* NGTTGTTC	60 STGC	:	.60
LpMDHb	:	* TAAAACTTTCTACGCT	80 GGGAAGGCAAAC	* GTGCCAGT	100 CACTGGGGTGAA	* .TGTTCCTG	120 FTGT	:	120
LpMDHb	:	* TGGTGGCCATGCTGGT	140 GTTACTATCCTG	* CCACAGTT(160 CTCACAGGCTAC	* TCCTGCAA	180 GTAA	:	180
LpMDHb	:	* TGCATTGTCCCATGAG	200 GACCTTAAGGCC	* CTCACCAA	220 GAGGACACAAGA	* \TGGTGGGA	240 CGGA	:	240
LpMDHb	:	* AGTTGTTGAAGCAAAG	260 GCTGGAAAGGGC	* TCAGCAAC.	280 ATTGTCAATGGC	* CATATGCTG	300 GTGC	:	300
LpMDHb	:	* AGTATTTGGAGATGCA	320 TGCTTGAAGGGG	* CTCAATGG	340 AGTTCCTGACAI	* TGTAGAGT	.360 GCTC	:	360
LpMDHb	:	* CTTTGTGCAATCAACC	380 GTAACAGAGCTG	* CCATTCTT	400 TGCCTCCAAGG1	* !AAGGCTCG	420 GCAA	:	420
LpMDHb	:	* GAACGGAGTGGAGGAA	440 GTGATTGGGCTG	* GGCGAGCT	460 GTCTGCCTTCG	* AGAAGGAGG	480 GTCT	:	480
LpMDHb	:	* GGAGAGCCTCAAGGGC	500 GAGCTGNTGNCC	* TCCATCGA	520 GAAGGGTATCA	* \GTTCGCGC	540 AGGA	:	540
LpMDHb	:	* GAGCTAGTCAACCTGC	560 TCAGATTCTAAC	* ACTCCGCA	580 .CATGAACTCGG	* rgggatctg	600 ATGA	:	600.
LpMDHb	:	* ATTTTTGGTACGACTC	620 CTTTCACTGCCC	* CCTTCTCC	640 TGGGGACATTG	* AGGCGTCGN	660 GCTC	:	660
LpMDHb	:	* CACAATAAAATGGCGT	680 GNCTTGTTGCCA	* .TACTGAAC	700 !TGAACTTGTAA!	* FACCAGAAA	720 GAGT	:	720
LpMDHb	:	* GAAACCCTGTGCCTTA	740 ATGTACCACAGTA	* .CGGTGAAC	760 CCGAAAATCAT	* GAAGGTAGC	780 AGAA	:	780
LpMDHb	:	* GATTCTGTGGAAGCTT	800 TTTTCTTTTAN	: 807					

LpMDHb	:	* LXLLPSEKAVRCHHP	20 XVVRAKTFY	* AGKANVPVTGV	40 NVPVVGGHA	* AGVTILPQFSQAT	60 PASN	:	60
грмонр	:	* ALSHEDLKALTKRTQ	80 DGGTEVVEA	* KAGKGSATLSM	100 AYAGAVFGI	* DACLKGLNGVPD:	120 IVECS	:	120
LpMDHb	:	* FVQSTVTELPFFASK	140 WRLGKNGVE	* EVIGLGELSAF	160 EKEGLESLI	* KGELXXSIEKGI	180 KFAQE	:	180
LpMDHb	:	S : 181							

		*	20	*	40	*	60		
LpMDHb1 LpMDHb2	:	TTTGGTNCTTTTGCCGA	g <mark>-</mark> Manijaajici gcgaga <mark>q</mark> agci	GTTCGGTC GTT[ÏGGTC	TCACCACCT TCACCACCT	TGNGTTGTT(TGEGTTGTT(CGTGCT CGTGCT	:	60 44
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* AAAACTTTCTACGCTGG AAAACTTTCTACGCTGG	80 GAAGGCAAACG	* FTGCCAGT(FTGCCGGT(100 CACTGGGGTGA CACTGGGGTGA	* ATGTTCCTG ATGTTCCTG	120 TTGTTG TTGTTG		121 105
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 14 GTGGCCATGCTGGTGTT GTGGCCATGCTGGTGTT	ACTATCCTGC	CACHGTTC	160 FCACAGGCTAC FCACAGGCTAC	TCCTGCAAG	180 TAATGC TAATGC		182 166
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 200 ATTGTCCCATGAGGATC ATTGTCCCATGAGGACC	* TTAAGGCCCTC	CACCAAGA	20 GGACACAAGAT GGACACAAGAT	GGTGGGACG	40 GAAGTT GAAGTT		243 227
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 260 GTTGAAGCAAAGGCTGG GTTGAAGCAAAGGCTGG	* AAAGGGCTCAGAAAGGGCTCAG	28 GCAACATT GCAACATT	GTCAATGGCAT	30 PATGCTGGTG PATGCTGGTG	CAGTAT		304 288
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 320 TTGGAGATGCATGCTTG TTGGAGATGCATGCTTG	* AAGGGGCTCA AAGGGGCTCA	340 ATGGAGTT ATGGAGTT	* CCTGACATTGT	360 PAGAGTGCTC PAGAGTGCTC	CTTTGT		365 349
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 380 GCAATCAACIÏGTAACAC GCAATCAACCGTAACAC	* BAGCTGCCATT BAGCTGCCATT	400 CTTTGCCT CTTTGCCT	* CCAAGGTAAG(CCAAGGTAAG(420 GCTCGGCAAG	AACGGA AACGGA	:	426 410
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 440 GTGGAGGAAGTGATTGG GTGGAGGAAGTGATTGG	* GCTGGGCGAG GCTGGGCGAG	460 CTGTCTGC CTGTCTGC	* CTTCGAGAAG(CTTCGAGAAG(480 GAGGGTCTGG GAGGGTCTGG	SAGAGCC SAGAGCC	:	487 471
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 500 TCAAGGGCGAGCTGNTC	* ENCCTCCATCG ELCCTCCATEG	520 AGAAGGGT AGAAGGGT	* ATCAAGTTCG ATCAAGTTCG	540 CGCAGGAGAC CĪĪCAGGAGAC	CTAGTC	:	548 532
LpMDHb1 LpMDHb2	:	* 560 AACCTGCTCAGATTCT	* PACACTCCEȚA PACACTCCECA	580 CATGAACT CATGAACT	* CGGTGGGATC	600 TGATGAATTI TGATGAATTI	* ATÐÐTT1 ĀTÐÐTT1	:	609 593
LpMDHb1	:	620 CGACTCCTTTCTCTGC CGACTCCTTTCACTGC	* CCCMTTMTCGT CCCCTTCTCCT	640 GGGGACAT GGGGACAT	* TGAGGCGTEG	660 NGCTICACA IGCTCCACA	* TAAAAT TAAAAT	:	670 654

LpMDHb1 LpMDHb2	:	680 GGCGTGNYTTGTTG- GGCGTGNCTTGTTGC	* CATACTGA CATACTGA	700 MCTGACCTTMT ACTGAACTTGT	* ATTCN AATACCAG	720 AAAGAGTGAAAC	* CCTGTGC:	708 7 1 5
		. 4						
> > > >		740	*	760	*	780	*	_
LpMDHb1 LpMDHb2	:	CTTATGTACCACAGT	'ACGGTGA!	ACCCGAAAATCA	TGAAGGTA	GCAGAAGATTCT	GTGGAAG:	776
_								
		800						
LpMDHb1	:		: -					
LpMDHb2	:	CTTTTTTCTTTTAN	: 790					

		* 20 * 40 * 60		
LpMDHc	:	GNNGGTNTACCGAGCGCNCATACTTTNGTGGGTGAGGTTCTTGGACTNGACCCAAGAGAT	:	60
LpMDHc	:	* 80 * 100 * 120 GTCAATGTTCCTGTNGNTGGCGGGCATGCCGGAGTTACNATATTGCCACTCCTTTCGCAG	:	120
LpMDHc	:	* 140 * 160 * 180 GTTAATCCTCCCTGCTCATTCACCATGAGGAAATTAGTATCTCACCTTCACAGCATACAG	:	180
		* 200 * 220 * 240		
LpMDHc	:	AATGGTGGGACAGAAGTNGTCGAGGCGAAAGCTGGAGCAGGATCGGNNACTNTTTCTATG	:	240
LpMDHc	:	* 260 * 280 * 300 GCGNATGCGGCAGCTAAATTTGCAGATGCTTGCTNGAGAGGATTGCATGGTGATGCTGGG	:	300
ьрмонс	; :	* 320 * 340 * 360 ATAGNGGANTGCTCTTATGTGGATTCTCAGGTGACGGANCTNTCTTTNTTTGCATCCAAA	:	360
		* 380 * 400 *		
LpMDHc	٠:	GTTCGCCTTGGTTGTTCTGGCGTCNAGGAGATCTTGCCACTTGGTCCACTCAACGAGTN	:	419

LpMDHc	:	* XGXPSXHTXVGEV	20 /LGXDPRDVNVPXX	* :GGHAGVXI	40 LPLLSQVNPPO	* CSFTMRKLVSH	60 LHSIQ	:	60
LpMDHc	:	* NGGTEXVEAKAGA	80 AGSXTXSMAXAAAK	* CFADACXRG	100 LHGDAGIXXC	* SYVDSQVTXXS	120 EXFASK	:	120
LpMDHc	:	* VRLGCSGVXEIL	PLGPLNE : 139						

			*	20	*	40	*	60		
PHOMOT	:	GNGNTTCCG	CCAACACA	ACACCACCGCTC	CCCCGTCC	GCATCTCTCCCT	TTCGCCTC	CAT	:	60
- <u>r</u>										
							4.	120		
			*	80	*	100		120	_	120
LpMDHd	:	CGATCCAG	ATCCCACAC	ACCGCCGCAGCC	CAGCAACGA	TGAGGCCGTCGG	CGATGAGA	100	•	120
				140	*	160	*	180		
		~~~~~~	*	140		CGTCCGGCCAGC			:	180
грирна	:	GCCGCGCAC	SCICCICCG	CCGCCGCAGCIA	ACT CGT CCG		,000.10000		•	
			*	200	*	220	*	240		
5HCMc.I		стссссат	CTCGGCGC	GGCCGGCGGGA:	rcgggcagc	CGCTGGCGCTC	CTCATGAAG	CTG	:	240
приши	٠	GIGGCCHI.								
			*	260	*	280	*	300		
LpMDHd	:	AACCCGCT	CGTCTCCTC	CCTCTCCCTCT	ACGACATCO	CCGCCACCCCC	GCGTCGCC	:GCC	:	300
<b></b>	•									
			*	320	*	340	* 	360		260
LpMDHd	:	GACGTCTC	CCACATCAP	CTCCCCGGCCC'	TGGTGAAGO	GGTTCATGGGC	GACGATCAG	CTC	:	360
						400	*	420		
			*	380	* ************************************	400	 നേരു വരു മുദ		:	420
LpMDHd	:	GCGGAGGC	GTTGGAGGG	GGCCGACCTCG	TCATCATC	CCGGCCGGCGTT	CCGAGGAAC	.ccc	•	120
							•			
				440	*	460	*	480		
r MDII d		aaan mana	מאמממא רפז	▗ਜ਼ਜ਼⋴ ⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒⋒		GCATCGTTAAG	AACCTCTG		:	480
грипна	:	GGCAIGAC	CACCOACO	ALCICATOMACIA						
			*	500 .	*	520	*	540		
PHUMUT		GCCATCGC	CAAGTACT	GCCCAACGCTC	TTATCAAC	ATGATCAGCAAC	CCTGTGAA	CTCA	:	540
пр. ш	•									
			*	560	*.	580	*	600		
LpMDHd	. :	ACTGTTCC	AATTGCTG	CTGAAGTTTTCA	AGAAGGCT	GGAACCTATGAT	GAGAAGAA	3TTG	:	600
_										
								660		
			*	620	*	640	, , ,			660
LpMDHd	. :	: TTTGGTG7	GACCACTC	TIGATGITG	GIGCCAGG	ACTTTCTATGCT	JODARDOD	IMAI	•	000
			•	680	*	700	*	720		
T 147077 -			ᇄ	┸╚┸ ┸	: ተጥተርጥተርርጥ	GGTCATGCTGGI	ATCACCAT		:	720
грипно	ι	GIACCIG	LINCIGGIG	TOTALCOT						
			*	740	*	760	*			
Landina	1	· CCACTGT	rctcacagg	CAACTCCTTCG	ACTAATGCA	TTGTCTAGTGA	AGACATN:	774		•

LpMDHd	:	* XXPPTQHHRSPVRISPF	20 RLHRSRSHTPPÇ	* PATMRPSA	40 MRSAAQLLRRRS	* SYSSASGQE	60 ERK	:	60
LpMDHd	:	* VAILGAAGGIGQPLALLI	80 MKLNPLVSSLSI	* JYDIAATPG	100 EVAADVSHINSPA	* \LVKGFMGI	120 DQL	:	120
LpMDHd	:	* AEALEGADLVIIPAGVP	140 RKPGMTRDDLF1	* IINAGIVKN	160 NLCTAIAKYCPNA	* LINMISNE	180 PVNS	:	180
LpMDHd	:	* TVPIAAEVFKKAGTYDE	200 KKLFGVTTLDV\	* /RARTFYAC	220 SKANVPVTGVNVI	* PVVGGHAG	240 ETIL	:	240
PHCIMCT		* PLFSOATPSTNALSSED	X : 258				٠.		

#### 33/241

LpMDHe	:	* TCCGTACNATTGCT	20 FGCTGAAGTATT	* TAAAAAAGC	40 rgggacatac <i>i</i>	* AATCCTAAGAGA	60 TTGT	:	60
LpMDHe	:	* TGGGGGTGACAACA	80 ACTTGATGTAGT	* 'GAGAGCCAA'	100 FACTTTTGTGC	* GTGAGGTTCTT	120 GGAC	:	120
LpMDHe	:	* TTGACCCCAGAGA	140 IGTCAATGTTCC	* CTGTTGTTGG	160 CGGGCATGCC	* GGAGTTACGATA	180 ATTAC	:	180
LpMDHe	:	* CACTCCTTTCGCA	200 GGTTAGTCCTCC	* CCTGCTCGTT	220 CACCCTGAG	* JAAATTAGTTAT	240 ICTCA	:	240
LpMDHe	:	CCTCACGCATACA	260 GAATGGTGGGA	* CAGAAGTTGT	280 GGAGGCGAAA	* GCAGGAGCAGG!	300 ATCGG	:	300
LpMDHe	:	* CAACTCTTTCTAT	320 GGCGTATGCGG(	* CAGCTAAATT	340 TGCAGATGCT	* TGCTTGAGAGG	360 ATTGC	:	360
LpMDHe	:	* ATGGTGATGCTGG	380 GATAGTGGAGT	* GCTCTTATGT	400 GGATTCTCAG	* GTGACCGGAAC	420 IGCCT	:	420
LpMDHe	:	* TCTTTGCATCCAA	440 AGTTCGCCTAG	* GTCGTTCTGG	460 CGTCGAGGAG	* ATCTTGCAACT	480 TGGGT	:	480
LpMDHe	:	* CCACTGAACCAGG	500 TTTTGAAAGAN	* CTGGACTGGA	520 ANAAGGCGAA	* ANAANGAGCTA	540 TCCCG	:	540
LpMDHe	:	* AGAGCCTTCCAGA	560 AAAGGNTGTGTC	* ATTTCGTNCA	580 ACAAAGTGAG	* TTACATGCCAT	600 CATCT	:	600
LpMDHe	:	* TTGTTGGATGTGG	620 CTTCCCCAAAGT	* TCCAACACAC	640 CCGTCGNAATT	* 'GGCATATANAT	660 ATTGC	:	660
LpMDHe	: :	* TGGTTTGGGGCCT	680 FTTTGCNTTNAT	* GCAAACAGG(	700 TACCTINTGO	* GTGGGGGGGT	720 CCGTT	:	720
LpMDHe	<b>:</b> :	* : NTGAAAAACTCT	740 FAACATTTTTT	* TTACGGTTG(	760 SNAACAAAATI	* ITNTGAAAAGCC	780 TGAGA		780
LpMDHe	•	* : ANTATATGATAA	800 TTGAANAAGTT	* AAAAAANT:	AAN : 816				

		*	20	*	40	*	60		
LpMDHe	:	RXIAAEVFKKAC	STYNPKRLLGVTTI	DVVRANTF	/GEVLGLDPRD\	NVPVVGGHA	GVTILP	:	60
LpMDHe	:	* LLSQVSPPCSF	80 PPEEISYLTSRIQN	* IGGTEVVEAI	100 KAGAGSATLSMA	* AYAAAKFADA	120 CLRGLH	:	120
_			140		160	*	180		
LpMDHe	:	GDAGIVECSYVI	DSQVTGTAFFASK\	VRLGRSGVEI		FERXGLEXGE		:	180
LpMDHe	:	* SLPERXCHFXQ	200 QSELHAIIFVGCAS	* SPKFQHTVX	220 IGIXİLLVWGLI	* LXXCKQATXW	240 VGGVRX	:	240
		*	260 <u>.</u>	*	271				
LDMDHe	:	EKGGTFFFTVX	NKXXEKPEXYMIXI	: AAAACAG	4/1				

## 35/241

LpMDHf	:	* GGGATGATINA	20 TNCAACAAAAAT	* CGCTGGGCAT	40 IGTCCGATCAAT	* CTGTGAGGGCGT	60 TGCC	:	60
LpMDHf	:	* AAGAGCTGTCC	80 TAATGCAATAGI	* CGAATTTGAT(	100 CAGCAACCCTGT	* GAACTCAACTGT	120 CCCC	:	120
LpMDHf	:	* ATTGCGGCAGA	140 AGNTTTCAAGAO	* GGCTGGAAC	160 FTACTGCCCAA	* ACGTCTCCTTGG	180 SAGTG	:	180
LpMDHf	:	* ACAACTCTTGA	. 200 TGTAGCGAGGG	* CTAACACCTT		* CGCTTGGAGNTG	240 ATCCT	:	240
LpMDHf	:	* AGAGAAGNCAG	260 TGTTCCGGNTG	* TTGGCGGGCA		* CTATATTGCCCCT	300 CCTG	:	300
LpMDHf	:	* NCCCAGGTCAG	320 CCCCCGTGCT		340 AGATGAAATCAG	* GCTATTTGACTA	360 ACCGC	:	360
LpMDHf	:	* ATACAGAATGO	380 [.] CGGTACCGAAG	* ITGTTGAGGC	400 AAAGGCTGGAGG	* CAGGCTCTGCAA	420 CTTTG	:	420
LpMDHf	:	* TCAATGGCTT	440 TTGCTGCTGCAA	* AATTCGCCGA	460 TGCATGCTTGC	* GTGGAATGCGTG	480 GTGAT	:	480
LpMDHf	:	* GCTGGCATTG	500 GGAATGTNCAT	* ACGTTGCATC	520 TGAGGTGACAG	* AGCTGCCGTTCT	540 TTGCA	:	540
LpMDHf	:	* ACAAAAGTGAG	560 EGTTAGGTCGTG	* GCGGAGCTGA	580 GGAGATCCTCC	* CTCTTGGGCCAC	600 TGAAT	:	600
LpMDHf	:	* GACTTTGAGA	620 BAGCTGGCCTGG	* AGAAGGCGAA	640 WAAGGAGCTCA	* GCGAGAGCATCC	660 AGAAG	:	660
LpMDHf	:	* GGTGTGGCGT	680 ICATGAACAAGI	* 'GAGATCATA'	700 GAATGGATGGA	* TACCCCGCAACC	720 TATAC	:	720
LpMDHf	;	* ATAGATGATG	740 CAAAGACTAAAG	* BAAAGAGTGTC	760 BATATAGTGCTC	* CTATATACCTGT	780 AAAAT		780
LpMDHf	: ;	* : CTCTCCTGCC	TGTAAGAA : 7	198					

LpMDHf	:	* MLGIVRSICEGVAKSCPN	20 AIVNLISNPVNS	STVPIAAE	40 XFKRAGTYCPKR	* LLGVTTLDV	60 'AR :	60
LpMDHf	:	* ANTFVAEVLGXDPREXSV	80 PXVGGHAGITII		100 PPCSFTPDEISY	_	.20 TE :	120
LpMDHf	:	* 1 VVEAKAGAGSATLSMAFA	.40 AAKFADACLRGI		160 ECXYVASEVTEL	-	.80 .GR :	180
Lp. MDHf	:	* 2 GGAEEILPLGPLNDFERA	00 GLEKAXKELSE		220 MNK : 220			

			*	20	*	40 ·	*	60		
LpMDHf1 LpMDHf2	:	GNNNTGAT' -GGATGAT	OAADMTANT OAADMTAMT	AAAAATGCTGGG AAAAATGCTGGG	CATTGTCC ATTGTCC	GATCAATCTGT GATCAATCTGT	GAGGGCGT1 GAGGGCGT1	rgcc rgcc	:	60 58
		3 2 C 3 C C C C C	*	80 AATAGTGAATTI	*	100	* TCA A CTCT	120		120
LpMDHf1 LpMDHf2	:	AAGAGCTG'	CCTAATGC	AATAGTGAATTT	GATCAGCA	ACCCTGTGAAC ACCCTGTGAAC	TCAACTGT	CCCC		118
			*	140	*	160	*	180		100
LpMDHf1 LpMDHf2	:	ATTGCGGC ATTGCGGC	AMAAGN'I"I'I AGAAG <mark>II</mark> TTT	CAAGAGGGCTGC CAAGAGGGCTGC	SAACTTACT	IGCCCCAAACGI IGCCCCAAACGI	CTCCTTGG/	AGTG	:	180 178
	į	7 C 7 7 C CT C CT	*	200 CGAGGGCTAACA	* *	220 	* CNAGNTGA	240	•	240
LpMDHf1 LpMDHf2	:	ACAACTCT ACAACTCT	TGATGTAGC	CGAGGGCTAACA(	CCTTTGTG	GCTGAAGTGCTT GCTGAAGTGCTT	GGAG TTGA	TCCT	:	238
			*	260	*	280	*	300		300
LpMDHf1 LpMDHf2	:	AGAGAAGN AGAGAAG	CAGTGTTCC CAGTGTTCC	CGGNTGTTGGCGC CGGjjTGTTGGCGC	GCATGCN GCATGCA	GGGATCACTATA GGGATCACTATA	TTGCCCCT	CCTG	:	298
LpMDHf1	V	MCCCACCT	*	320 CGTGCTCATTCA	* ^TCACAT	340 340	* 'TTGACTAA	360 CCCC		360
LpMDHf2	:	TCCCAGGT	CAGCCCCC	CGTGCTCATTCA(	CTCCAGAT	GAAATCAGCTAT	'TTGACTAA	CCGC	:	358
			*	380	*	400	*	420		420
LpMDHf1 LpMDHf2		ATACAGAA ATACAGAA	TGGCGGTA(	CCGAAGTTGTTG. CCGAAGTTGTTG	AGGCAAAG AGGCAAAG	GCTGGAGCAGGC GCTGGAGCAGGC	TCTGCAAC	TTTG	:	418
		man n maac	*	440 CTGCAAAATTCG	*	460	* \\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\	480		480
LpMDHf1 LpMDHf2	:	TCAATGGC	TTTTGCTG	CTGCAAAATTCG	CCGATGCA	TGCTTGCGTGGA	ATGCGTGG	TGAT	:	478
			*	500	*	520	*	540		
LpMDHf1 LpMDHf2			TGTGGAAT TGTGGAAT	GTMCATACGTTG GTN	CATCTGAG	GTGACAGAGCTC		TGCA	:	540 497
			*	560	*	580	*	600		
LpMDHf1 LpMDHf2	:	ACAAAAGT	GAGGTTAG	GTCGTGGCGGAG	CTGAGGAG	Arcerectici	<u> </u>	GAAI	:	600
			*	620	*	640	*	660		
LpMDHf1	:	GACTTTG	AGAGAGCTG	GCCTGGAGAAGG	CGAANAAG	GAGCTCAGCGA(	JAGCATCC <i>P</i>	GAAG	:	660

			*	680	*	700	*	720.		720
LpMDHf1	:	GGTGTG	GCGTTCAT	rgaacaagtga(	GATCATATGA	AATGGATGGAT	ACCCCGCAAC	CIAIAC	•	120
LpMDHf2	:								:	-
			*	740	*	760	*	780		
LpMDHf1	:	ATAGAT	GATGCAA	AGACTAAAGAA	AGAGTGTGA'	TATAGTGCTCC'	TATATACCT	GTAAAAT	:	780
LpMDH£2	:								:	_
			*							
LpMDHf1	:	CTCTCC	TGCCTGT	AAGAA : 798						
LDMDHf2	:			: -						

# 39/241

LpMDHg	:	* CAATTGCACGTTCT	20 IGCTCACTTC	* AGCATCACCC	40 TCACGCTTCT	* CCTACACAACC	60 CCTCC	:	60
LpMDHg	:	* CAACCGTCACTATG	80 GTCAAGGCTGT	* rcgtcgcagg	100 TGCTGCTGGT	* GGTATCGGCCA	120 GCCCC	:	120
LpMDHg	:	* TCTCTCTTCTACTC	140 AAGACGAGCC	* CCTCATCGA	160 TGAGCTTGCC	* CTCTACGATG1	180 TGTCA	:	180
LpMDHg	:	* ACACTCCCGGTGTT	200 GCCGCTGATC	* TTTCCCACAT	220 CTCATCCCGC	* CGCTCAAATCGC	240 CGGCT	:	240
LpMDHg	:	* ACCTCCCCAAGGAT	260 GATGGCGCAA	* AGGCTGCATT	280 CAAAGATGCC	* CGACATTATCGI	300 CATCC	:	300
LpMDHg	:	* CCGCCGGCATTCCT	320 CGCAAGCCTG	* GCATGACCCG	340 TGATGACCT	* CTTCAACATCA!	360 ACGCCG	:	360
LpMDHg	:	* GAATTGTCAAGGGT	380 CTGATTGAGG	* TTGCCGCCG <i>P</i>	400 AGTTGCCCC	* CAAGGCCTTCA	420 TTCTGG	:	420
LpMDHg	:	* TCATCTCCAACCCT	440 GTCAACTCTA	* .CCGTCCCTA1	460 CCTCTGCCGA	* GGTCCTCAAGG	480 CCAAGG	:	480
LpMDHg	:	* GCGTCTTCAACCCT	500 CAGCGTCTTT	* TCGGTGTCAC	520 CCACCCTCGA	* CATCGTCCGTG	540 CCGAGA	:	540
LpMDHg	:	* CTTTCGTCGCCAGG	560 CATCACCGGCG	* SAGAAGCAGC(	580 CCCAGAACTT	* GACCGTCCCCG	600 TCATTG	:	600
LpMDHg	:	* GCGGCCACTCCGGG	620 CGAGACCATCG	* FTCCCGCTTT	640 FCAGCAAGGN	* TCAGCCCTCTG	660 CTTNCA	:	660

LpMDHg : TTCCCGC : 667

		*	20	*	40	*	60		
LpMDHg	:	IARSCSLQHHPHASI	PTQPLPTVTM	VKAVVAGAAGO	SIGQPLSLLL	KTSPLIDELAI	'ADA <u>A</u> N	:	60
LрMDHg	:	* TPGVAADLSHISSRA	80 AQIAGYLPKD	* DGAKAAFKDAI	100 DIIVIPAGIP	* RKPGMTRDDLI	120 MINAG	:	120
LpMDHg	:	* IVKGLIEVAAEVAPI	140 KAFILVISNE	* PVNSTVPISAEV	160 /LKAKGVFNP	* QRLFGVTTLD	180 CVRAET	:	180
T.:DMDH.cr		* FVASITGEKOPONL'	200 rvpvigghse	* ETIVPLFSKX(	220 OPSAXIP :	221	•		

		•	*	20	*	40	*	60		
LoMDHh	:	TNACGGAGC'	TGCTTAAA	TCAGCCCCCATT	CCGCCTCG	TCTATAGCGAT	CCTTCATCC	CGT	:	60
	•									
			*	80	*	100	*	120		
TAMDUb		<b>ייכיירכיירכר</b>	כיייכי ביייכי ביי	GAACCACTCTCC	CCATCCC	GAACTCCAGA	ACCGGCTCC	ATG	:	120
וושמויוקם	•	IGICGICGC	CICCICC	0,1100110101						
			_	140	•	160	*	180		
	•	~~~~~~~~~	^ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~	GCGCGTGCTCG1	 	TOO TOO	ል አጥጥር/ር <b>አጥ</b> ል ባ			180
LpMDHn	:	GCGGCGAAG	GAACCGAT	GCGCG1GC1CG1	CACCGGCG	CCGCAGGACA	MI IOCHINI		•	200
								040		
			*	200	*	220	* ~~~~~	240		240
LpMDHh	:	CTTGTTCCG	ATGATTGC	TAGGGGAATTA	rgcttggtc	3CGGACCAGCC	IGTTATTCTC	3CAT	:	240
_										
			*	260	*	280	*	300		
LoMDHh	:	ATGCTGGAT	ATTCCACC	AGCTGCTGAAG	CTCTTAATO	GTGTTAAGAT	GGAGTTGGT"	<b>IGAT</b>	:	300
-F										
			*	320	*	340	*	360		
T NOTOTIL	_	aaaaaa mmm	יכים איכייייים	CAAGGGAGTTG	ртасааса		TGAGGCTTG	CACT	:	360
טאמוווליו	:	GCCGCAIII	CCACIICI	CARGGORGIIG	Hochicia	101011101101				
						*				
				200		400	*	420		
			*	380	*	400 	~ ~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~			420
LpMDHh	1:	GGTGTGAAT	GTTGCGG	TATGGTTGGTG	GATTCCCC	DDDADDAADDA	AATGGAAAG	JAAG	:	420
			*	440	*	460	*	480		
LpMDHh	-:	GATGTTATO	TCTAAGA	ATGTTTCAATCT.	ACAAATCT	CAAGCATCTGC	CCTTGAAGC	CCAT	:	480
-F		,								
			*	500	*	520	*	540		
t MDUb		GCAGCCCCC	ኋእ አጥጥር <i>ር</i> አን	AGGTTCTGGTTG	TTGCCAAT	CCAGCAAACAC	CAATGCTCT	TATC	:	540
mpunn	•	GCAGCCCCC								
				560	•	580	*	600		
			, ,	560	 	700 700	ימא ממממממיי		٠.	600
rbwdhu	:	TTAAAGGAG	3TTTGCTC	CATCTATTCCTG	AGAAGAAC	AICAGIIGIII	GACCCGCCI	AUAC	•	000
					•					
			*	620	*	640	* ~-~- =~=	660		
LpMDHh	. :	CATAACAG	GCACTTG(	GTCAGATCTCTG	AGAGACTT	GATGTCCAAG'I	"TAGTGATGT	GAAG	:	660
					•					
			*	680	*	700	*	720		
LoMDHh	:	AATGTTAT	CATCTGGG	GCAATCACTCTT	CCAGTCAG	TACCCTGATGT	'GAACCACGC	CACC	:	720
			*	740	*	760	*	780		
T. WATEL		СТСРРСРС	<b>ጥጥር Δርጥር</b>	GCGAGAAGCCTG	TTCGCGAA		CGATGAATG	GCTA	:	780
וושמוולה	. :	GIGANGAC	_ LUCHULU							
			•	900	*	820	*	840		
				800	 	OAU IOOMOON NIDONI	יי איז אינירים אינ			840
LpMDHh	ι :	AATGCAGG	GTTCATTG	CCACTGTCCAGO	AGCGTGGT	GCTGCAATCAT	CHANGCGAC	DAND	•	040

# FIGURE 28

		*	860	*		*		
TipMDHh	:	CTCTCCAGTGCTCT	CTCTGCTGCC	AGCTCTGCTT	GTGACCACAT	CCGTGATTGG	TTCTC	: 900
-P. 12-12-1	•							
		*	920	*	940	*	960	
T NATOTTI		GGAACCCCTGAGGG		тссата		TGGTTCATAC		: 960
PDMDHU	:	GGAACCCCTGAGGG	MACAIIIGII	ICCAIGGIG	IGINITOTO			
			980		1000	*	1020	
		*		*				.1020
LpMDHn	:	CCTGCTGGGCTTAT	CTACTCCTTC	CCAGTAACTT	GCIGCGGIGC	FIGAMIGGACA	ALIGII	.1020
							1000	
		*	1040	*			1080	
LpMDHh	:	CAAGGGCTCCCGAT	CGACGAGTTC	TCAAGAAAGA!	AGATGGATG	CACAGCCCAG	GAGCTC	:1080
		*	1100	*	1120	*	1140	
LoMDHh		TCGGAGGAGAAGGC	TCTCGCCTAC	TCGTGCCTCG	AGTAACTGC	ATACCAGGGAG	CAGCTG	:1140
_p	٠							
		*	1160	*	1180	*	1200	
Tambilla		CCGCTCTGATGTTT	ያል ል ል ል ይ ይ ይ እ ል ል ል ል ይ ምሳ	ኒር <u>ል አ</u> ር አጥጥጥጥር	CCTCCATGA	ACTCATCTCC		:1200
триши	•	CCGCICIGAIGII	LIGHTIMAN	OMICHITIC	.00100111011			•
		•						
			1000	4	1240	*	1260	
		*	1220	*	1240 mmaa amam	~ ~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~		.1260
LpMDHh	:	AACAGTTGCACAT	CGCGGTGCCT	TAGCTGGTT	TICCAGIGIO	JIAIGAAIGAG	GCIIII	:1200
		*	1280	*	1300	*		
LpMDHh	:	GTAGCTCTATTTT	CGCCTGATGAT	TTACAGGACA	AGGATATTGG	CAGGAAGATTG	GAACAA	:1320
_								
					•			
		*	1340	*	1360 .	*	1380	
LoMDHh	:	TTTGACGTCTGAT	TAAAACCAAC(	CTCTTATTATI	CCTGTGTGT	ATGAATGAGGC	TTTTGT	:1380
		*	1400	*	1420	*	1440	
LaMbuh		AGCTCTATTTTCG	ᢗᢗᡙᢙᢧᡎᢙᡓᡎᢇ	TACAGGCCATO	TATATTGGCA	GGAGGATTGGA		:1440
приот	٠	AGCICIATITICS						
		*	1460	*	1480			
T MDT71-		TGACGCCTGATTA		נ ענתה ענות אות אות אות אות אות אות אות אות אות א		7 • 1484		
трипни	:	TGACGCCTGATTA	AAACCAACCT	CITALIACIA		W . TAGA		

		* 2	* 0	40	*	60		
LpMDHh	:	MAAKEPMRVLVTGAAGQIG	YALVPMIARGIN	ILGADQPVILI	MLDIPPAAEALM	1GVKMELV	:	60
LpMDHh	:	* E	30 * ACTGVNVAVMVGC	100 FPRKEGMER	* KDVMSKNVSIYKS	120 SQASALEA	:	120
LpMDHh	:	* 14 HAAPNCKVLVVANPANTNA		160 KNISCLTRL	* DHNRALGQISERI	180 LDVQVSDV	:	180
LpMDHh	:	* 20 KNVIIWGNHSSSQYPDVNI	00 * HATVKTSSGEKP	220 VRELVKDDEW	* LNAGFIATVQQR	240 GAAIIKAR	:	240
<b>L</b> pMDHh	:	* 20 KLSSALSAASSACDHIRD	50 * WVLGTPEGTFVSI	280 MGVYSDGSYG	* VPAGLIYSFPVT	300 CCGGEWTI	:	300
LoMDHh	:	* 3: VQGLPIDEFSRKKMDATA	20 * QELSEEKALAYS	CLE : 333				

PCT/AU2004/000493 WO 2004/089066

44/241 60 20 60 CGTTC LpMDHh1 29 LpMDHh2 24 LpMDHh3 22 LpMDHh4 MMACCHTMCTMCCCGTTG 20 LpMDHh5 19 LpMDHh6 TT-CATHATCCCGTTG ATCCTTCATCCCGTTG 18 LpMDHh7 19 LpMDHh8 GCNATCCTTCATCCCGTTG
-\vec{N}_1ACCGTT\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT}\vec{GCTT} 19 LpMDHh9 18 LpMDHh10 : 18 LpMDHh11 : 17 LpMDHh12: GATCCTT ATCCCGTTG
GNOCTTENTCCCGTTG
GATCCTTCATCCCGTTG 16 LpMDHh13 : 17

LpMDHh15 : --GTCCTTCATCCCGTTG GATCCTT ATCCCGTTG GTCCTTCATCCCGTTG GMCCTTCATCCCGTTG LpMDHh16 : -----17 16 LpMDHh17 : --17 LpMDHh18: 17 LpMDHh19 : --G<mark>T</mark>TCCTT<mark>-N</mark>TCCCGTTG G<u>K</u>TCCTTCATCCCGTTG 16 LpMDHh20 : --LpMDHh21 : -----17 GATCCTTCATCCCGTTG 17 LpMDHh22 : --CNCCTTNATCCNTTG CNTCNTHATCCCGTTG LTCCTTNNTCCCGTTG TCCTTNATCCCGTTG 16 LpMDHh23 : --16 LpMDHh24: 16 LpMDHh25 : LpMDHh26: -----15

17

15

6

LpMDHh14 :

LpMDHh48 : -----

LpMDHh27 : -----ACCTTOTIGCCCGTTG TCCTT-NTCCCGTTG 14 LpMDHh28: LpMDHh29 : -----TCCTT-ATCCCGTTG 14 TCCTTCNTCCCGTTG
-CCTTCATCCCGTTG LpMDHh30 : -----15 14 LpMDHh31 : NCCTTOTCCCTTG ACCTTATCCCGTTG 14 LpMDHh32: 14 ATCCCGTTG : LpMDHh34 : 13 : LpMDHh35 : -----LpMDHh36 : -----13

13 LpMDHh37 : --LpMDHh38 : -----13 TTCATCCCXTTG 12 LpMDHh39 : TT<mark>G</mark>ATCCCGTTG NTTATCCCGTTG NTTATCCCGTTG GTCNTCCCGTTG 12 LpMDHh40 : 12 LpMDHh41 : --12 LpMDHh42 : ---LpMDHh43 : -----12 TT-NTCCCGTTG 11 LpMDHh44 : LpMDHh45 : -----TTCTCCCGTTG 11 11 LpMDHh46 : LpMDHh47 : 8 -TCCCGTTG 5

LpMDHh49 : --LpMDHh50 : -----LpMDHh51 : LpMDHh52 : LpMDHh53: LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh56: LpMDHh57:

LpMDHh58 : LpMDHh59 : LpMDHh60: LpMDHh61 : LpMDHh62: LpMDHh63 : --LpMDHh64:

		*	80	*	100	*	120	0
LpMDHh1 :		CGTCGCCTCCTCCCGAAC	CCACTCTCCCCA	rcccgaact	CCAGAACCGGC'	CCAATGGCGG	:	122
LpMDHh2 :		P-G-CTNCTGCCCN-AAC	CCACTCTCCCCA	CCCCGAACT	CCAGAACCGGC'	<b>PCCAATGGCGG</b>	:	88
LpMDHh3 :	:	GTTCGCCTCCTCCCGA	CACTCTCCCCA	FCCCCGAACT	CCAGAACCGGC'	FCCAATGGCGG	:	86
LpMDHh4 :		GTTCGCCTCCTCCCG-A	ACNCTCCCCA'	CCCCGAACT	CCAGAACCGGC'	FCCAATGGCGG	:	83
LpMDHh5 :	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTNCCCN	CCCCGAACT	CCAGAACCGGC'	ICCAATGGCGG	:	82
LpMDHh6 :	:	CGTCGCCTCCTCCGA <mark>N</mark>	CACTCTCCCC-	ICCCCGAACT	CCAGAACCGGC'	rccaatggcgg	:	80
LpMDHh7	: 1	CG-CINCTCCTCCC-AA	CACTCTCCCCA	rcccgaact	'CCAGAACCGGC'	ICCAATGGCGG	:	78
LpMDHh8 :		rcgrcGCctcccgAa(						81
LpMDHh9		CGTCGCCTCCTCCGAA						81
LpMDHh10	:	CGTCGCCTCCTCCCGAA	CACTCTCCCC-	TCCCCGAAC'I	'CCAGAACCGGC'	rccaatggcgg	:	79
LpMDHh11	:	rcgtc <u>a</u> cctcctcccgaa	CACTCTCCCCA'	TCCCCGAAC'I	CCAGAACCGGC	rccaarggcgg	٠.	80
LpMDHh12		CGTCGCCTCCTCCCG-A						78 77
LpMDHh13		rcgtcgcctcctcccg <mark>-</mark> a rcgtcgcctcctcccg <mark>n</mark> a	CCACTCTCCCCA					77 78
LpMDHh14			CCACTCTCCCCA'					78
LpMDHh15	:		CCACTCTCCCCA CCACTCTCCCCA					78
LpMDHh16			CCACTCTCCCCA CCACTCTCCCCA'					77
LpMDHh17 LpMDHh18	:		CCACTCTCCCCA'					78
LpMDHh19	•		CCACTCTCCCCA'					78
LpMDHh20	:		CCACTCTCCCCA					77
LpMDHh21			CCACTCTCCCCA					78
LpMDHh22			CCACTCTCCCCA					78
LpMDHh23	:		CCACTCTCCCCA					77
LpMDHh24	:		CCACTCTCCCCA	TCCCCGAACT	CCAGAACCGGC	TCCAATGGCGG	<b>:</b> .	77
LpMDHh25	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTCCCC-	TCCCCGAACT	CCAGAACCGGC	TCCAATGGCGG	:	77
LpMDHh26	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CC-CTCTCCCCA	TCCCCGAACT	CCAGAACCGGC	TCCAATGGCGC	:	76
LpMDHh27	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA						77
LpMDHh28	:	TCGTCGCCTCCTCCCG <mark>-</mark> A						75
LpMDHh29	.:	TCGTCGCCTCCTCCCG <mark>-</mark> A						75
LpMDHh30	:		CCACTCTCCCCA					76
LpMDHh31	:	TCGTCGCCTCCTCCCG <mark>-</mark> A						75
LpMDHh32	•	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTCCCCA	TCCCCGAAC	CCAGAACCGGC	TCCAATGGCGG	:	76
LpMDHh34	:	TCGTCGCCTCCTCCCG <mark>-</mark> A	CCACTCTCCCCA	TCCCCGAAC'	CCAGAACCGGC	TCCAAGGGCGC		75
	.:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTCCCC	NCCCCGAAC.	CCAGAACCGGC	TCCAATGGCGC	:	75
LpMDHh36	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTCCCC	MCCCCGAAC.	rcca-aaccggc	TCCAATGGCGC		74 75
LpMDHh37	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA TCGTCGCCTCCTCCCG-A						74 74
LpMDHh38	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA TCGTÄGCCTÄCTCCCGAA						74
LpMDHh39 LpMDHh40	:	TCGTEGCCTECTCCCGAA						73
LpMDHh41	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA			rccagaaccggc			73
LpMDHh42	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA						72
LpMDHh43	:	TCGTCGCCTCCTCCCG-A						73
LpMDHh44	:	TCGTCGCCTCCTCCCG-A						· 72
LpMDHh45	:	TCGTCGCCTCCTCCCG-A						71
LpMDHh46	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA						72
LpMDHh47	:	TCGTCGCCTCCTCCCG-A						69
LpMDHh48	:	TCGTCGCCTCCTCCCG-A						65 '
LpMDHh49	:	TCGTCGCCTCCTCCCGAA	CCACTCTCCCCA	TCCCCGAAC'	rccag <u>a</u> accgg(	TCCAATGGCG	ē :	68
LpMDHh50	:		CC-CTCTCCCCA	TCCCCGAAC'	rccagnaccggc	TCCAATGGCG	e :	46
LpMDHh51	:			NCCCCGNAN	TCCA-NACCGGC	TCCAA-GGCG	e :	30
LpMDHh52	:						- :	-
LpMDHh53	:						- :	-
LpMDHh54	:						- :	-
LpMDHh55	:						- :	-
LpMDHh56	:						- : - :	<u>-</u>
LpMDHh57	:						- : - :	-
LpMDHh58	:						- : - :	_
LpMDHh59 LpMDHh60	:							-
LpMDHh61	:						<u>.</u>	-
LpMDHh62	•						- :	_
LpMDHh63	:						- :	_
LpMDHh64	:						- :	_
	•							

		*	140	*	160	*	180		
LpMDHh1 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTCF	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	GGATATGCT	CTTGTT	:	184
LpMDHh2 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTCA	ACCGGCGCCG[	ŢAGGACAAAT'I	GGATATGCT	CTTGTT	:	150
LpMDHh3 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTCA	ACCGGCGCCG	ĈAGGACAAATT	GGATATGCT	CTTGTT	:	148
LpMDHh4 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTCA	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	GGATATGCT	CTTGTT	:	145
LpMDHh5 :		CGAAGÑAACCGATG	CGCGTGCTCGTCA	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	GGATATGCT	CTTGTT	:	144
LpMDHh6 :		CGAAGĞAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATI	GGATATGCT	CTTGTT	:	142
LpMDHh7:		CGAAGGAACCGATG						:	140
LpMDHh8 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC#	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	GGATATGCT	CTTGTT	:	143
LpMDHh9 :		CGAAGGAACCGATG						:	143
LpMDHh10 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATI	GGATATGCT	CTTGTT	:	141
LpMDHh11 :		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	142
LpMDHh12:	1	CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATI	GGATATGCT	CTTGTT	:	140
LpMDHh13 :		CGAAGGAACCGATC						:	139
LoMDHh14:		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	rggatatgct	CTTGTT	:	140
LpMDHh15:		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	rggatatgct	CTTGTT	:	140
LpMDHh16:		CGAAGGAACCGATG	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	140
LpMDHh17:	IJ	CGAAGGAACCGATO	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	<b>TGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	139
LpMDHh18:		CGAAGGAACCGATO	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	rggatatgct	CTTGTT	:	140
LpMDHh19:		CGAAGGAACCGATC	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAATT	<b>FGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	140.
LpMDHh20 :		CGAAGGAACCGATC	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT"	rggatatgct	CTTGTT	:	139
LpMDHh21 :	:	CGAAGGAACCGAT	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT:	<b>IGGATATGCT</b>	CTTGTT	٠.	140
LpMDHh22:	:	CGAAGGAACCGATO	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT"	<b>FGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	140
LpMDHh23:		C AAGGAACCGATC	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT"	<b>FGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	139:
LpMDHh24 :		NGAAGGAACCGAT(						:	139
LpMDHh25 :		~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT"	rggatatgct	CTTGTT	:	139
LpMDHh26 :	ij	CGAAGGAACCGATO	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	<b>IGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	138
LpMDHh27		CGAAGGAACCGATO						:	139
LpMDHh28 :	:	CGAAGGAACCGAT	CGCGTGCTCGTC.	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	137
LpMDHh29 :	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC.	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	TGGATATGCT	CTTGTT	:	137
LpMDHh30 :	:	CGAAGGAACCGAT	SCGCGTGCTCGTC.	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	<b>IGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	138
LpMDHh31 :	:	CGAAGGAACCGAT	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	<b>FGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	137
LpMDHh32 :	:	CGAAGGAACCGAT	CGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAÑAT'	<b>IGGATATGCT</b>	CTTGTT	:	138
LpMDHh34 :	:	CÑAAGGAACCGAT(						:	137
LpMDHh35	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	137
LpMDHh36	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	TGGATATGCI	CTTGTT	:	136
LpMDHh37	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	TGGATATGCI	CTTGTT	:	137
LpMDHh38	:	CGAAGGAACCGAT						:	136
LpMDHh39	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCÄTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT'	TGGATATGCT	CTTGTT	:	136
LpMDHh40	:	CGAAGGAACCGAT						:	135
LpMDHh41	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	135
LpMDHh42	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	134
LpMDHh43	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	135
LpMDHh44	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	134
LpMDHh45	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCG	CAGGACAAAT	TGGATATGCT	CTTGTT	:	133
LpMDHh46	:	CGAAGGAACCGAT						:	134
LpMDHh47	:	CGAAGGAACCGAT						:	131
LpMDHh48	:	CGAAGGAACCGAT						:	127
	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCC	GCAGGACAAAT	TGGATATGC:	CTTGTT	:	130
LpMDHh50	:	CGAAGGAACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCC	GCAGGACAAAT	TGGATATGC:	CTTGTT	:	108
LpMDHh51	:	CGAAGÑAACCGAGGACCGAT	GCGCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCC	GCAGGACAAAT	TGGATATGC	CTTGTT	:	91
LpMDHh52	:	GGACCGAT	GCCCGTGCTCGTC	ACCGGCGCCC	<b>ECAGGÑCAAAT</b>	TGGATATGC	CTTGTT	:	57
LpMDHh53	:							:	-
LpMDHh54	:							:	-
LpMDHh55	:							:	_
LpMDHh56	:							:	-
LpMDHh57	:							:	-
LpMDHh58	:							:	-
LpMDHh59	:							:	-
LpMDHh60	:							:	-
LpMDHh61	:							:	-
LpMDHh62	:							:	
LpMDHh63	:							:	-
LoMDHh64	:							:	_

		*	200	*	220	*	240		
LpMDHh1	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGAC	CAGCCTGTT	ATTCTGCATAT	<b>IGCTGGA</b>	:	246
LpMDHh2	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGAC	CAGCCTGTT	ATTCTGCATAT	IGCTGGA	:	212
LpMDHh3	:		AGGGGAATTATGCT					:	210
LpMDHh4	:	CCGATGATTGCT	AGG <u>EN</u> AATTATGCT	TGGNGTGCAC	AGCCTGTT:	ATTNTGCATAT	<b>13</b>	:	202
LpMDHh5	:		AGGGGAATTATGCT					:	206
LpMDHh6	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGAC	CAGCCTGTT	ATTCTGCATA?	IGCTGGA	:	204
LpMDHh7	:		AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh8	:		AGGGGAATTATGCT					:	205
LpMDHh9	:		AGGGGAATTATGCT					:	205
LpMDHh10	:		AGGGGAATTATGCT					:	203
LpMDHh11	:		AGGGGAATTATGCT					:	204
LpMDHh12	:		AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh13	:		AGGGGAATTATGCT					:	201
LpMDHh14	:		AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh15	:		AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh16	:		AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh17	:		AGGGGAATTATGCT					:	201
LpMDHh18	:		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					:	202 202
LpMDHh19 LpMDHh20	:		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh21	:		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh22	:		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					:	202
LpMDHh23	:		ANGGGAATTATGCI					:	201
LpMDHh24	:		AGGGGAATTATGCT						201
LpMDHh25	:		AGGGGAATTATGCT					:	201
LpMDHh26	:		AGGGGAATTATGCT					:	200
LpMDHh27	•		AGGGGAATTATGCT					:	201
LpMDHh28	:	CCGATGATTGCT.	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	199
LpMDHh29	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCI	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	<b>IGCTGGA</b>	:	199
LpMDHh30	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	200
LpMDHh31	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	199
LpMDHh32	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	200
LpMDHh34	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCI	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	<b>IGCTGGA</b>	:	199
LpMDHh35	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCI	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	199
LpMDHh36	:		AGGGGAATTATGCT					:	198
LpMDHh37	:		AGGGGAATTATGCT					:	199
LpMDHh38	:		AGGGGAATTATGCT					:	198
LpMDHh39	:		ANGGGAATTATGCT					:	198
LpMDHh40	:		AGGGGAATTATGCT					:	197
LpMDHh41 LpMDHh42	:		AGGGGAATTATGCT		ALC: NO.			:	197 196
LpMDHh43	:		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					•	196
LpMDHh44	•		AGGGGAATTATGCT AGGGGAATTATGCT					:	196
LpMDHh45	:		AGGGGAATTATGCT						195
LpMDHh46	:		AGGGGAATTATGCT						196
LpMDHh47	:		AGGGGAATTATGCT					:	193
LpMDHh48	:		AGGGGAATTATGCT					:	189
LpMDHh49	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	192
LpMDHh50	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	170
LpMDHh51	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	153
LpMDHh52	:	CCGATGATTGCT	AGGGGAATTATGCT	TGGTGCGGA	CCAGCCTGTT	'ATTCTGCATA'	TGCTGGA	:	119
LpMDHh53	:		TATGCT	TGGTGCGG-	CCAGCCTGTT	PATTCTGCATA	TGCTGGA	:	41
LpMDHh54	:							:	_
LpMDHh55	:							:	-
LpMDHh56	:							:	-
LpMDHh57	:							:	-
LpMDHh58	:							:	-
LpMDHh59	:							:	-
LpMDHh60	:							:	-
LpMDHh61 LpMDHh62	:							:	-
LpMDHh63	:							:	-
LpMDHh64								:	_
₹ لانتندائيم ،بوب	•							٠	_

	*	260	*	280	*	300		*
LpMDHh1 :	TATTCCACC	AGCTGCTGAAC	CTCTTAATGG	TGTTAAGATG	GAGTTGGTT	GATGCCGCATTT	C :	308
LpMDHh2 :	TATTCCACC	AGCTGCTGAAC	CTCTTAATGG	TGTTAAGATG(	GAGTTGGTT	GATGCCGÑATTT	<b>1</b> :	274
LpMDHh3:	TATTGCACC	AGCTGCTGAAC	CTCTTAATGG	CGTTAA (ATG	GAAGTGNNT	- NGGCGGCNTÄG	N :	271
LpMDHh4 :							- :	-
LpMDHh5 :						GATGCCGCATTT		268
LpMDHh6:	TATTCCACC	CAGCTGCTGAAC	SCTCTTAATGG	TGTTAAGATG	GAGTTGGTT	GATGCCGCATTT	C :	266
LpMDHh7:						GATGCCGCATTT		264
LpMDHh8 :	TATTCCACC	CAGCTGCTGAAC	<b>SCTCTTAATGG</b>	TGTTAAGATG	GAGTTGGTT	GATGCCGCATTT	$\mathbf{C}$ :	267
LpMDHh9 :	TATTCCACC	CAGCTGCTGAAC	GCTCTTAATGG	TGTTAAGATG	GAGTTGGTT	GATGCCGCATTT	$\mathbf{c}:$	267
LpMDHh10:						GATGCCGCATTI		265
LpMDHh11:						GATGCCGCATTI		266
LpMDHh12:						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh13:						GATGCCGCATTT		263
LpMDHh14:						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh15 :						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh16 :						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh17:						GATGCCGCATTI		263
LpMDHh18:						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh19:						GATGCCGCATTT		264
LpMDHh20:						GATGCCGCATTI		263
LpMDHh21:						GATGCCGCATTI		264
LpMDHh22:						GATGCCGCATTI		
LpMDHh23:						GATGCCNCATT		263
LpMDHh24:						GATGCCGCATTI		
LpMDHh25:						GATGCCGCATTI		263
LpMDHh26:						GATGCCGCATTI		
LpMDHh27:						'GATGCCGCATT'		263
LpMDHh28:						'GATGCCGCATT'		
LpMDHh29:						'GATGCCGCATTT		
LpMDHh30:						GATGCCGCATTT		
LpMDHh31:						GATGCCGCATTT		261
LpMDHh32:						GATGCCGCATTT		
LpMDHh34:						GATGCCGCATTT		261
LpMDHh35:						GATGCCGCATT		
LpMDHh36:						GATGCCGCATT		260
LpMDHh37:						GATGCCGCATT		
LpMDHh38:								260
LpMDHh39:						GATGCCGCATT'		,-
LpMDHh40:						GATGCCGCATT:		259
LpMDHh41 :						GATGCCGCATT'		258
LpMDHh42:						'GATGCCGCATT' 'GATGCCGCATT'		
LpMDHh43 :						GATGCCGCATT		258
LpMDHh44 :						'GATGCCGCATT'		257
LpMDHh46						'GATGCCGCATT'		258
LpMDHh47						'GATGCCGCATT'		255
LpMDHh48						GATGCCGCATT'		251
LpMDHh49						GATGCCGCATT'		254
LpMDHh50						GATGCCGCATT'		: 232
LpMDHh51	TATTCCAC	CAGCTGCTGAA	GCTCTTAATG	GTGTTAAGATC	GAGTTGGT	GATGCCGCATT'	rc	215
LpMDHh52	TATTCCAC	CAGCTGCTGAA	GCTCTTAATG	GTGTTAAGATG	GAGTTGGT	GATGCCGCATT'	rc	: 181
LpMDHh53	TATTCCAC	CAGCTGCTGAA	GCTCTTAATG	GTGTTAAGATG	GAGTTGGTT	GATGCCGCATT	rc	: 103
LpMDHh54								-
LpMDHh55								: -
LoMDHh56	:							: -
LpMDHh57	:				. <b></b> .			: -
LpMDHh58	:							: -
LpMDHh59	:						<b>-</b> -	: -
LpMDHh60	:							: -
LpMDHh61								: -
LpMDHh62								: -
LpMDHh63								: -
LpMDHh64	:							: -

	320	*	340	*	360		*
LpMDHh1 :	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	370
LpMDHh2 :		GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGNGNGAATGT-	:	335
LpMDHh3 :	NCTTTNTCGCN					:,	282
LpMDHh4 :						:	-
LpMDHh5 :		GTTGCAACAACT(	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	330
LpMDHh6 :		GTTGCAACAACT(	GATGTTGTTG	AGGCTTGCACI	GGTGTGAATGTT	:	328
LpMDHh7 :						:	326
LpMDHh8 :						:	329
LpMDHh9 :						:	329
LpMDHh10:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	327
LpMDHh11:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	328
LpMDHh12:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	326
LpMDHh13:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	325
LpMDHh14 :						:	326
LpMDHh15 : LpMDHh16 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	326
LpMDHh17						:	326
LpMDHh18:	CACTTCTCAAGGGAGTT	GIIGCAACAACI( GTTGCÄACAACI(	CATCUTCUTCA	AGGCT TGCACT	GGIGIGAAIGIT	:	325
LpMDHh19:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	326 326
LpMDHh20:	CACTTCTCAAGGGAGTT						325
LpMDHh21 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	326
LpMDHh22:	CACTTCTCAAGGGAGTT						326
LpMDHh23:	CACTTCTCAAGGGAGTT						315
LpMDHh24:	CACTTNTCAAGGGAGTT					:	325
LpMDHh25 :	CACTTĈTCAAGGGAGTT					:	325
LpMDHh26:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	324
LpMDHh27 :	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	325
LpMDHh28 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh29 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh30:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	324
LpMDHh31:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh32:	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCAC1	GGTGTGAATGTT	:	324
LpMDHh34:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh35:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh36:	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	322
LpMDHh37 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	323
LpMDHh39	CACTTCTCAAGGGAGTT CACTTCTCAAGGGAGNT	GIIGCAACAACI(	JAIGITGITG <i>I</i>	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	322
LpMDHh40	CACTT TCAAGGGAGTT	GMTGCAACAACT GMTGCAACAACT	CATGITGNIGE CATGITGNIG	AGGCIMGCACI	CCÑCTC A ATCTT	:	322 321
LpMDHh41	CACTTCTCAAGGGAGTT						321
LpMDHh42	CACTTCTCAAGGGAGTT						321
LpMDHh43	CACTTCTCAAGGGAGTT						321
LpMDHh44 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	320
LpMDHh45 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	319
LpMDHh46:	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	GGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	320
LpMDHh47 :	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	317
LpMDHh48 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	313
LpMDHh49 :	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	316
LpMDHh50 :	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	294
LpMDHh51:	CACTTCTCAAGGGAGTT	GTTGCAACAACT(	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACT	GGTGTGAATGTT	:	277
LpMDHh52 :		GTTGCAACAACT	GATGTTGTTGA	AGGCTTGCACI	GGTGTGAATGTT	:	243
LpMDHh53 :	CACTTCTCAAGGGAGTT					:	165
LpMDHh54 :						:	-
LpMDHh55 :						:	-
LpMDHh57						:	-
LpMDHh58						:	-
LpMDHh59						:	-
LpMDHh60					· · · · · ·	:	-
LpMDHh61						:	_
LpMDHh62							_
LpMDHh63						•	_
LpMDHh64						:	_
_						-	

		380	*	400	*	420	*		
LpMDHh1	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTCC	CCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATGT	TATGTCTAA	:	432
LpMDHh2	:							:	-
LpMDHh3	:							:	-
LpMDHh4	:							:	-
LpMDHh5	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTCC	CCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATGT	TATGTCTAA	:	392
LpMDHh6	:	GCGGTTATGGTTG							390
LpMDHh7	:	GCGGTTATGGTTG							388
LpMDHh8		GCGGTTATGGTTG							391
-	•	GCGTTATGGTTG							391
LpMDHh9	•	Rath							389
LpMDHh10	•	GCGGTTATGGTTG							
LpMDHh11	:	GCGGTTATGGTTG							390
LpMDHh12	:	GCGETTATGGTTG							388
LpMDHh13	:	GCGGTTATGGTTG							387
LpMDHh14	:	GCGGTTATGGTTG							388
LpMDHh15	.:	GCGGTTATGGTTG							388
LpMDHh16	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG:	TATGTCTAA		388
LpMDHh17	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG:	TATGTCTAA	:	387
LpMDHh18	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG:	TATGTCTAA	:	388
LpMDHh19	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG:	TATGTCTAA	:	388
LpMDHh20	:	GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCCAGGAAGG <u>AG</u>	GGAATGGAA	AGGAAGGATG'	TATGTCTAA	:	387
LpMDHh21	:	GCGGTTATGGTTC						:	388
LpMDHh22	:	GCGGTTATGGTTC	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG'	TATGTCTAA	:	388
LpMDHh23	:							.:	_
LpMDHh24		GCGGTTATGGTTG	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG'	TATGTCTAA		387
LpMDHh25		GCGGTTATGGTTG							387
LpMDHh26	:	GCGGTTATGGTTG							386
LpMDHh27	:	GCGGTTATGGTTG						:	387
-	•	GCGGTTATGGTTG						:	385
LpMDHh28	•							•	
LpMDHh29	:	GCGGTTATGGTTC						:	385
LpMDHh30	:	GCGGTTATGGTT						:	386
LpMDHh31	:	GCGGTTATGGTTC						:	385
LpMDHh32	:	GCGGTTATGGNTC						:	386
LpMDHh34	:	GCGGTTATGGTTC						Ŧ	385
LpMDHh35	:	GCGGTTATGGTTC						:	385
LpMDHh36	:	GCGGTTATGGTT						:	384
LpMDHh37	:	GCGGTTATGGTT	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAG	GGAATGGAA	AGGAAGGATG'	PTATGTCTAA	:	385
LpMDHh38	:	GCGGTTATGGTTC	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAC	GGAATGGAA	AGGAAGGATG'	TTATGTCTAA	:	384
LpMDHh39	:	GCGGTTATGGÄTC						:	341
LpMDHh40	:	GCGGNNNTGNCN	GEECANCT	AANA!TNN				:	349
LpMDHh41	:	GCGGTTATGGTTC	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAC	GGAATGGAA	AGGAAGGATG	TTATGTCTAA	:	383
LpMDHh42	:	GCGGTTATGGTTC						:	382
LpMDHh43		GCGGTTATGGTT							383
LpMDHh44	•	GCGGTTATGGTT							382
LpMDHh45	:	GCGGTTATGGTT						Ţ,	381
LpMDHh46		GCGGTTATGGTT						•	382
LpMDHh47		GCGGTTATGGTT					5931	1	379
_		GCGGTTATGGTT							375
LpMDHh48									378
LpMDHh49		GCGGTTATGGTT						•	
LpMDHh50								•	356
LpMDHh51		GCGGTTATGGTT						:	339
LpMDHh52		GCGGTTATGGTT	-GTGGATTC	CCCAGGAAGGAC	GGAATGGAA	MAGGAAGGATG	TTATGTCTAA	:	30!
LpMDHh53		GCGGTTATGGTT	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAC	GGAGTGGA <i>I</i>	VAGGAAGGATG	TTATGTCTAA	:	55.
LpMDHh54		TNGGTT	GTGGATTC	CCCAGGAAGGAC	GGAATGGA	AAGGAAGGATG	TTATGTCTAA	:	56
LpMDHh55								:	
LpMDHh56								:	
LpMDHh57	•							:	•
LpMDHh58	:							:	
LpMDHh59								:	
LpMDHh60								:	
LpMDHh61								:	
LpMDHh62								:	
LoMDHh63								•	
InpMDHh64								:	

		440 * 460 * 480 *	
LpMDHh1	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCCATGCAGCCCCGAATTGCA:	494
LpMDHh2	:	:	-
LpMDHh3	:	:	-
LpMDHh4	:		_
LpMDHh5	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	454
LpMDHh6	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA:	452
LpMDHh7	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCNAATTGCA:	450
LpMDHh8		GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA:	453
LpMDHh9	:		453
LpMDHh10	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA:	451
LpMDHh11			452
LpMDHh12		GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh13		GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	449
LpMDHh14		GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh15		GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh16	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh17	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	449
LpMDHh18	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh19	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCÄGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh20	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	449
LpMDHh21	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh22	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	450
LpMDHh23	٠	CALLO TI CAMPAGAMAT GEORGE TO ANGESTA TO CAGE COGAMITISCA	450
LpMDHh24	٠	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	449
LpMDHh25	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	449
LpMDHh26	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	448
LpMDHh27	•		449
LpMDHh28	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCAATTGCA	447
-	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	
LpMDHh29	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	447
LpMDHh30	•	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	448
LpMDHh31	•	WAATGTTTCAATCTACAAATCTAAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCACCCCAAATTGCA	446
LpMDHh32	:	MAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	448
LpMDHh34	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	447
LpMDHh35	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	447
LpMDHh36	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	446
LpMDHh37	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	447
LpMDHh38	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAG-CCATGCAGCCCCGAATTGCA	445
LpMDHh39	:	:	-
LpMDHh40	:		
LpMDHh41	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	445
LpMDHh42	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	444
LpMDHh43	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	445
LpMDHh44	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	444
LpMDHh45	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	443
LpMDHh46	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	444
LpMDHh47	:	AAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	44]
LpMDHh48	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGTATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	437
LpMDHh49	:	GAATGTTTCAATCTACAAATCTCAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	44(
LpMDHh50	:		418
LpMDHh51	:		401
LpMDHh52	:		367
LpMDHh53	:		289
LpMDHh54	:		118
LpMDHh55	:	TAAGCATCTGCCCTTGAAGCCCATGCAGCCCCGAATTGCA	4(
LpMDHh56	:		20
LpMDHh57	:	TGCAGCCCG-ATTGCA:	16
LpMDHh58	:	:	
LpMDHh59	:	:	•
LpMDHh60	:	:	•
LpMDHh61	:		•
LpMDHh62	:	:	•
LpMDHh63	:	:	•
LpMDHh64	:	:	•

		500	*	520	*	540	*	5		
LpMDHh1	:	AGGTTCTC	GTTGTTGCCAA	TCCAGCAAAC	ACCAATGC:	TCTTATCTTAA	AGGAGTTTGC'	TCCA :	5	56
LpMDHh2	:							:		_
LpMDHh3	:							:	:	-
LpMDHh4	:							:		_
LpMDHh5		AGGTTCTC	GTTGTTGCCAA	TCCAGCAAAC	ACCAATGC	TCTTATCTTAA	AGGAGTTTGC	TCCA :	5	16
LpMDHh6			GTTGTTGCCAA							14
LpMDHh7			GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh8	:		GTTGTTGCCAA							15
LpMDHh9	:		GTTGTTGCCAA						_	15
LpMDHh10	:		GGTTGTTGCCAA					_	_	13
LpMDHh11	:		GGTTGTTGCCAA						_	14
	:		GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh12	•		GTTGTTGCCAA							11
LpMDHh13	:		GGTTGTTGCCAA							
LpMDHh14	:									12
LpMDHh15	.=		GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh16	:		GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh17	:		GGTTGTTGCCAA							11
LpMDHh18	:		GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh19	:		GGTTGTTGCCAA							12
LpMDHh20	:		GGTTGTTGCCAA							11
LpMDHh21	:		GGTTGTTGCCA							12
LpMDHh22	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	YTCCAGCAAAC	CACCAATGC	I'CTTATCTTAI	AGGAGTTTGC	TCCA:	: 5	12
LpMDHh23	:								:	_
LpMDHh24	:		GGTTGTTGCCA							11
LpMDHh25	:		GGTTGTTGCCA						: 5	11
LpMDHh26	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	'ACCAATGC'	TCTTATCTTA	AGGAGTTTGC	TCCA	: 5	10
LpMDHh27	:		GGTTGTTGCCA						: 5	11
LpMDHh28	:		GGTTGTTGCCA						: 5	09
LpMDHh29	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	CACCAATGC	TCTTATCTTA	AAGGAGTTTGC	TCCA	; 5	09
LpMDHh30	:		GGTTGTTGCCA						: 5	10
LpMDHh31	.:	AGGGTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	CACCAATGC	TÄTTATÄTTAK	\AMGAGTTTGC	TCCA	: 5	08
LpMDHh32	:		GGTTGTTGCCA						: 5	10
LpMDHh34	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	CACCAÄTGC	TCTTATCTTA	AGGAGTTTGC	TCCA	: 5	09
LpMDHh35	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCA					: 4	70
LpMDHh36	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	CACCAATGC	TCTTATCTTA	AGGAGTTTGC	TCCA.	: 5	08
LpMDHh37	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA <i>i</i>	ATCCAGCAAAC	CACCAATGC	TCTTATCTTA	AGGAGTTTGC	TCCA	: 5	09
LpMDHh38	:		GGTTGTTGCCA#						: 5	07
LpMDHh39	:								:	_
LpMDHh40	:								:	_
LpMDHh41	:	AGGTTCT	GGTTGTTGCCA	ATCCAGCAAAC	CACCAATGC	TCTTATCTTA	AAGGAGNTTGC	TCCA	: 5	07
LpMDHh42	:		GGTTGTTGCCA						: 5	06
LpMDHh43	:		GGTTGTTGCCA						: 5	507
LpMDHh44	:		GGTTGTTGCCA						-	506
LpMDHh45	:		GGTTGTTGCCA							05
LpMDHh46	:		GGTTGTTGCCA							506
LpMDHh47	:		GGTTGTTGCCA			4190			_	503
LpMDHh48	:		GGTTGTTGCCA			in the same of the		_		99
LpMDHh49	•		GGTTGTTGCCA							502
LpMDHh50			GGTTGTTGCCA						: 4	180
LpMDHh51	:		GGTTGTTGCCA						. 4	163
LpMDHh52	:		GGTTGTTGCCA						•	129
LpMDHh53	:		GGTTGTTGCCA							351
LpMDHh54	:		GGTTGTTGCCA GGTTGTTGCCA					_		L8(
LpMDHh55	:	10.00	GGTTGTTGCCA2							102
LpMDHh56			GGTTGTTGCCA GGTTGTTGCCA							82
_	:		GGTTGTTGCCA						:	
LpMDHh57	:		GGTTGTTGCCA							78
LpMDHh58	:								:	-
LpMDHh59									:	•
LpMDHh60	:								:	•
LpMDHh61	:								:	-
LpMDHh62	:								:	-
LpMDHh63	:								:	-
LpMDHh64	:								:	-

		60	*	580	*	600	*	620	
LpMDHh1	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTT	GGTCA :	618
LpMDHh2	:							:	_
LpMDHh3	:							:	_
LpMDHh4	:							:	_
LpMDHh5	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTT	GGTCA :	578
LpMDHh6	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTT	GGTCA :	576
LpMDHh7	:	TCTATTC	CTGAÑAAG	acatNagttgt	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACT	GGTCA :	574
LpMDHh8	:			AACATĈAGTTGT					577
LpMDHh9	:			AACATCAGTTGT					577
LpMDHh10	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTI	GGTCA :	575
LpMDHh11	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTT	GGTCA :	576
LpMDHh12	:	TCTATTC	CTGAGAAG	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTT	'GGTCA :	574
LpMDHh13	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGG	:	563
LpMDHh14	:	TCTATTC	CTGAGAAG	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACT	GGTCA :	574
LpMDHh15	:			AACATCAGTTGT					574
LpMDHh16	:	TCTATTC	CTGAGAAGI	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACT	GGTCA :	574
LpMDHh17	:			AACATCAGTTGT					573
LpMDHh18	:	TCTATTC	CTGAGAAG	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACT	GGTCA:	574
LpMDHh19	:	TCTATTC	CTGAGAAGA	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTI	'GGTCA :	574
LpMDHh20	:			AACATCAGTTGT			•		
LpMDHh21	:			AACATCAGTTGT					
LpMDHh22	:	TCTATTC	CTGAGAAG	AACATCAGTTGI	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	CAGGGCACTI	GGTCA;	574
LpMDHh23	:							;	<del>-</del>
LpMDHh24	:	TCTNTTC						:	525
LpMDHh25	:			AACATCAGATGI					573
LpMDHh26	:			AACATCAGTTGT					572
LpMDHh27	:			AACATCAGTTGT					573
LpMDHh28	:			AACATCAGTTGT					571
LpMDHh29	:			AACATCAGTTGT					571
LpMDHh30 LpMDHh31	:			AACATCAGTTG1 AACATÑAÑTTG1					572
•				AACATNAMTIGI AACATCAGTTGI					570
LpMDHh32 LpMDHh34	•			AACATCAGTTGT AACATCAGTTGT					572
LpMDHh35	•	TCIALIC	C.I.GAGAAG/	AACAICAGIIGI	LIGACCCGC	CIAGACCAIAA	CAGGGCACI.	GGICA	· 571
LpMDHh36	:	TCTATTC	CTCACAAG	AACATCAGTTGT	TTCACCCC	CTACACCATA	CACCCACTO	CCTCA	570
LpMDHh37	:			AACATCAGTTG1					· 571
LpMDHh38	•			AACATCAGTTGT					569
LpMDHh39								ESERGIA .	
LpMDHh40	:								
LpMDHh41		TCTATTC	CTGAGAAN	AACATCAG <mark>N</mark> TG1	TTGACCCGC	CTAGACCATAZ	CAGGNCACTO	GGNCA :	569
LpMDHh42	:			AACATCAGTTGT					568
LpMDHh43	:			AACATCAGTTGT					569
LpMDHh44	:	TCTATTC	CTGAGAAG	AACATCAGTTGT	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	ACAGGGCACT	GGTCA :	568
LpMDHh45	:			AACATCAGTTGT					. 567
LpMDHh46	:			AACATCAGTTGT					568
LpMDHh47	:			аасат <mark>і</mark> і́аіі҈ттсі					. 565
LpMDHh48	:			AACATCAGTTG1					: 561
LpMDHh49	:	TCTATTC	CTGAGAAG.	AACATCAGTT <u>Ä</u> I	TTGACCCGC	CTAGACCATAA	ACAGGGCACT	GGTCA :	564
LpMDHh50	:			AACATCAGTTG1					542
LpMDHh51	:			AACATCAGTTGT					525
LpMDHh52	:			AACATCAGTTGT					491
LpMDHh53	:			AACATCAGTTGT					: 413
LpMDHh54	:			AACATCAGTTGT					: 242
LpMDHh55	:			AACATCAGTTGT					164
LpMDHh56	:			AACATCAGTTGT					: 144
LpMDHh57	:			AACATCAGTTGT					: 140
LpMDHh58	:								: -
LpMDHh59	:							•	: -
LpMDHh60	:								: -
LpMDHh61	:							•	<b>: -</b>
LpMDHh62	:								<b>: -</b>
LpMDHh63 LpMDHh64	:								<b>: -</b>
サウバカロゴロ 4	-								-

		* 640 * 660 * 680		
LpMDHh1		GATCTCTGAGAGACTTGATGMCCAAGTTAGTGATGTGAANAATGTTATCATCTGGGGCAATC		680
LpMDHh2	19		:	-
LpMDHh3	:		:	-
LpMDHh4	•		:	-
LpMDHh5		GATCTCTGAGAGACTTGATGGCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	640
LpMDHh6		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC		638
LpMDHh7		gatctctgagagacttñatgtccaanttagtgatgtgaanaatgttatcatctggggfaatc	:	636
LpMDHh8		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC		639
LpMDHh9		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	•	639
LpMDHh10		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC		637
LpMDHh11		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC		638
LpMDHh12		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	•	636
LpMDHh13			:	
LpMDHh14		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGŢĄATC	:	636
LpMDHh15		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	; .	636 ⁻
LpMDHh16		catctctgagagecttgatgtccaagttagtgatgtgaagaatgttatcatctgggg:#aatc	:	636
LpMDHh17	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	635
LpMDHh18	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGÄAATC	:	636
LpMDHh19		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	636 ·
LpMDHh20	:	gatctctgagagëcttgatgtccaagttagtgatgtgaagaatgttatcatctgggg‡aatc	:	635
LpMDHh21		GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:.	636
LpMDHh22	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	636
LpMDHh23	:		:	_
LpMDHh24	:		:	-
LpMDHh25	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTGCAAGTTAN GATGTGAANAATG TATCATCTGGGGANATC	:	635
LpMDHh26	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAAAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	634
LpMDHh27	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGTAATC	:	635
LpMDHh28	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	633
LpMDHh29	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	633
LpMDHh30	:	GATCTCTGAGAGGCTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGTAATC	:	634
LpMDHh31	:	ATCTUTNANAGACTTGNTNTCAAN	;	595
LpMDHh32	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGNGATGNGAANAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:.	634 ·
LpMDHh34	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	633
LpMDHh35	:		:	<del>-</del>
LpMDHh36	:	GATCTCTGANAGACTTGATGTCCAAGTTA	:	599
LpMDHh37	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATG	ŧ	606
LpMDHh38	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	•	631
LpMDHh39	:		:	_
LpMDHh40	:		:	-
LpMDHh41	:	GANCTCTGAGAGACNTGATGCCCAAGNTNGNGNTGN	•	605
LpMDHh42	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGCAAATC	:	630
LpMDHh43	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	•.	631
LpMDHh44	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	•	630 629
LpMDHh45	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGTAATC GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGTAATC	Ť	630
LpMDHh46	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATGTGGGGCAATG GATCT <mark>0</mark> TGAIQAGCTTGATG <mark>C</mark> CCAAGTTAGIQGATGTGAA <mark>A</mark> AATGTTATCATIITGGGGCAATII	•	627
LpMDHh47	•	GATCTMTGAMAGACTTGATGTCCAAGTTAGMGATGTGAAGAATGTTATCATMTGGGGCAATM GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	623
LpMDHh48 LpMDHh49	•	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	626
LpMDHh50	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	604
-	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGG	:	587
LpMDHh52	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC		553
LpMDHh53			:	475
LpMDHh54	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	304
LpMDHh55	:		:	226
LpMDHh56	:	GATCTCTGAGAGACTTGATGTCCAAGTTAGTGATGTGAAGAATGTTATCATCTGGGGCAATC	:	206
LpMDHh57	:		:	202
LpMDHh58	:	CONTROL	:	6
LpMDHh59	•		:	_
LpMDHh60	•		:	_
LpMDHh61	:		:	_
LpMDHh62	:		:	_
LpMDHh63	:		:	-
LpMDHh64	:		:	-

		* 700 * 720 <b>*</b> 740	
LpMDHh1		ACTCTTMCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGCCGAGAAG:	742
LpMDHh2			-
LpMDHh3	:	:	-
LpMDHh4	:		-
LpMDHh5		ACTCTTCCAG:	650
LpMDHh6		ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGA	660
LpMDHh7		ACCCTTCCAGTCAMTACCCTGATNTGAACCACCCCCNNAAANACTTCCAG-GGCGA:	693
LpMDHh8		ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	701
LpMDHh9		ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGGGGGGGAGAAG:	701
LpMDHh10		ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAANACT:	684
LpMDHh11	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG;	700
LpMDHh12	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTNCAGTGGCGAGAAG:	698
LpMDHh13			-
LpMDHh14	:	ACTCTTCCAGTCAATACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGN	692
LpMDHh15	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG:	698
LpMDHh16	:	ACTCTTCCAGTCARTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	698
LpMDHh17	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG:	697
LpMDHh18	:	ACTCTTCCAGTCANTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	698
LpMDHh19	:	ACTCTTMCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	698
LpMDHh20	:	ACTCTTCCAGTCAATACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	697
LpMDHh21	:		-698
LpMDHh22	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTÑCAGTGGCGAGAAG:	698
LpMDHh23	:		-
LpMDHh24	:		
LpMDHh25	:	ACTCTTNCAGNC-ATACCCTGATGTGAACCACGCCACCGNGAAGACNTNCACTGCONACAAG:	696
LpMDHh26	:	ACTCTTCCAGTC	646
LpMDHh27	:	ACTCTTNCAGTCAATACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAANACTTACAGTGGCGAGAAG	697
LpMDHh28	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG:	695
LpMDHh29	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	695
LpMDHh30	:	ACTCTTCCAGTCAATACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	696
LpMDHh31	:	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-
LpMDHh32	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGNGAAGACTTCCAGTGNCGAGANN	696
LpMDHh34	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	695
LpMDHh35	:	:	-
LpMDHh36	:		-
LpMDHh37	:		686
LpMDHh38	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTT	000
LpMDHh39	:		_
LpMDHh40	:		_
LpMDHh41	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGG	-685
LpMDHh42	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGAGAAG  ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG  :	693
LpMDHh43	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	692
LpMDHh44	:	ACTOTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTNCAGTGGCGAGAA-	690
LpMDHh45	•	ACTOTTCCAGTCAMTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTMCAGTGGCGAGAAG	692
LpMDHh46 LpMDHh47	•	ACTNTTCCAGTCAGTNCCCTGATGTGAACCACNCCCCCGCGZAAMACTTCCAG	679
LpMDHh48	•	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGN	676
LpMDHh49	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG:	688
LpMDHh50	:	ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAGGACTTCCAGTGGCGAGAAG:	666
LpMDHh51	:	ACTCTTCCAGTCA製TACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	64.9
LpMDHh52		ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	615
LpMDHh53	:		513
LpMDHh54			366
LpMDHh55		ACTCTTCCAGTCANTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	288
LpMDHh56		: ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	268
LpMDHh57		: ACTCTTCCAGTCAGTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	264
LpMDHh58		• ACTOTTOCAGTCAGTACCCTG-MGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG	<b>67</b>
LpMDHh59		·GTACCCTGATGTGAACCACGCCACCGTGAAGACTTCCAGTGGCGAGAAG :	49
LpMDHh60		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	14
LpMDHh61		gcgagaag :	8
LpMDHh62			-
LpMDHh63			-
LpMDHh64	;	:	_

		* 760 * 780 * 800		
LpMDHh1	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATG:	770	)
LpMDHh2	:		•	-
LpMDHh3	:	;	-	-
LpMDHh4	:		•	-
LpMDHh5	:	:	•	-
LpMDHh6	:	:	•	-
LpMDHh7	:			-
LpMDHh8	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGNTCATTGCCACTGTCCA	763	_
LpMDHh9	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAÑGG <mark>C</mark> TCATTGCCACTGTCCA	76:	3
LpMDHh10	:		70	-
LpMDHh11	:	CCTGTTC	76	
LpMDHh12	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	. 70	-
LpMDHh13	:			_
LpMDHh14 LpMDHh15	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	76	0
LpMDHh116	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	76	
LpMDHh17		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	75	
LpMDHh18	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	76	
LpMDHh19	;	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	76	
LpMDHh20	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	75	9
LpMDHh21	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTÑAATGCAGGGTTCATTGCCACTGNCCA	76	0
LpMDHh22	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: 76	0
LpMDHh23	:		:	-
LpMDHh24	:		:	-
LpMDHh25	:		: '	-
LpMDHh26	:		:	-
LpMDHh27	:	CCTGTTCGCGAACT	: 71	
LpMDHh28	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: 75	
LpMDHh29	:	CCICIICCCCIIICIICIIIIIICIICCCIIICIIIICCC	; 75	
LpMDHh30	:	CCTGTTCGCGAACTTGÑTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	:. 75	ø
LpMDHh31	:		: '	-
LpMDHh32	:		: : 75	- - 7
LpMDHh32 LpMDHh34	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : 75	- - 7 -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : 75 :	- 7 -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : 75 :	- 7 - -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37	: : : : : :		: : 75 : : :	- 7 - - -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :		: : 75 : : :	- 7 - - -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh38	: : : : : : : :		: : 75 : : : :	- - - - - -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38			: : 75 : : : : :	- - 7 - - -
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh39			:	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh40		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : 75	5
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh43 LpMDHh43 LpMDHh43 LpMDHh43		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	:	5
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : 75	5
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : 75	5
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : 75	5
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCG	: : : : : 75 : 75 : 70	54-0-
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh37 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCG  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh46 LpMDHh47 LpMDHh47 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh49 LpMDHh49		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCG  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	54-0-108
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh46 LpMDHh46 LpMDHh46 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh48 LpMDHh49 LpMDHh49 LpMDHh49 LpMDHh50 LpMDHh50		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCG  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	554-00-508
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh46 LpMDHh46 LpMDHh47 LpMDHh47 LpMDHh49 LpMDHh49 LpMDHh50 LpMDHh50 LpMDHh51		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCG  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	554-00-508
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh46 LpMDHh47 LpMDHh47 LpMDHh49 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	54-00-088
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : 75 : 75 : 75 : 75 : 75 : 75 : 75	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh50 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55	: :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh38 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51	:	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGC  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh50 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh46 LpMDHh46 LpMDHh51 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh42 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh46 LpMDHh46 LpMDHh45 LpMDHh50 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh52 LpMDHh54 LpMDHh54 LpMDHh55 LpMDHh54 LpMDHh55	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGC  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh46 LpMDHh48 LpMDHh50 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh54 LpMDHh53 LpMDHh54 LpMDHh54 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh56	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh36 LpMDHh36 LpMDHh39 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh44 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh50 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh52 LpMDHh52 LpMDHh51		CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGC  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	
LpMDHh32 LpMDHh34 LpMDHh35 LpMDHh36 LpMDHh37 LpMDHh39 LpMDHh40 LpMDHh41 LpMDHh41 LpMDHh43 LpMDHh44 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh45 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh51 LpMDHh54 LpMDHh54 LpMDHh54 LpMDHh51 LpMDHh54 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh55 LpMDHh56 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58 LpMDHh58	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA CCTGTTCGC  CCTGTTCGCGAACTTGTTAAAGACGATGAATGGCTAAATGCAGGGTTCATTGCCACTGTCCA	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	

		*	820	*	840	*	860		
LpMDHh1	:							;	
LpMDHh2	:							;	
LpMDHh3	:							:	-
LpMDHh4	:							;	
LpMDHh5	:							;	
LpMDHh6	:							:	
LpMDHh7	:								_
LpMDHh8	:	GCAGCGTG	STGCTGCAATCA	TCAAAGCGA	AG				793
LpMDHh9		GCAGCGTG	GNGCTGCAATCA	TCAAAGNG	AGGAAC				797
LpMDHh10	:								_
LpMDHh11	:								-
LpMDHh12		GCAGCGTG	STGCTGCAATCA	TCAAAGCG	AGGAAGCTCTNC	A			801
LpMDHh13								`	
LpMDHh14									_
LpMDHh15		GCAG			·		<b>.</b>	;	764
LpMDHh16	•	GCAGCGTG	8				·		769
LpMDHh17		GCANCGTG						:	770
LpMDHh18		******	GTGCTGCAATC-						779
LpMDHh19			GTGCTGCAATCA					:	788
LpMDHh20	•		STGCTGCAATCA						794
LpMDHh21	:	GCAGCGTG	GTGCTGCÑATCA	TCAAAGCG	AGGA AGCTT				797
LpMDHh22	:		GNGCTGC-ATCA						802
LpMDHh23		CCACCCTC	OMOGROG ATCA	TC-III.CCC	ACCIDIOCICI DO				. 002
LpMDHh24	•								
LpMDHh25	:								
LpMDHh26	:								_
LpMDHh27	:								
LpMDHh28	:	GCAGCGTG	CTC						768
LpMDHh29	:		GTGCTGCAATCA	TCAAAC					. 783 : 783
LpMDHh30	:		GTGCTGCAATCA						803
LpMDHh31	•	GCAGCGTG	GIGCIGCAAICA	T CAAAGCG	AGGAAGCICIN				. 603
LpMDHh32	•								
LpMDHh34		CCACCCTC	GTGCTGCAATCA	(Ta)					779
LpMDHh35	:	GCAGCGIG	GIGCIGCAAICA						. //3
LpMDHh36	:								
LpMDHh37	:								
LpMDHh38	:								
LpMDHh39	:								
LpMDHh40	:								
LpMDHh41	:								
LpMDHh42	:								
LpMDHh43	:	GCAGCGTG							: 763
LpMDHh44			GTGCTGCAATCA						790
LpMDHh45	:	CCACCOTO	JICCICCAAICA						. ,,,,
LpMDHh46	·								•
LpMDHh47	•								•
LpMDHh48									
LpMDHh49	i	GCAGCGTG	GTGCTGCAATCA	TCAAAGCG	AGGAAGCT				: 786
LpMDHh50	:		GTGCTGCAATC						: 772
LpMDHh51	:	GCMGCGIG			.com.cc.c.c				. //2
LpMDHh52		GCAGCGTG	GTGCTGCAATCA				TTCTCCTCCA	CCT	. 739
LpMDHh53	:	GCAGCGIG	GICCIOCHIICA	II CAMMICCO	ROCAMOCICIC	AGIGCICIC	ICIGCIGCCA	CG.	. /33
LpMDHh54	:	GCAGCGTG	GTGCTGCAATC	TCAAAGCG	A CCA A CCTTTTC	TACTCCTCTT	TTTTCCTCCC	CCT	: 490
LpMDHh55			GTGCTGCAATC# GTGCTGCAATC#						: 490
LpMDHh56	:		GTGCTGCAATCA GTGCTGCAATCA						
LpMDHh57	•	0.1	GTGCTGCAATCA GTGCTGCAATCA						
LpMDHh58			GTGCTGCAATCA GTGCTGCAATCA						
· .	•		GTGCTGCAATC! GTGCTGCAATC!						: 191
LpMDHh59	•		GTGCTGCAATC? GTGCTGCAATC?						: 173
LpMDHh60 LpMDHh61			GTGCTGCAATC! GTGCTGCAATC!						: 137
-		GC AGCG I G	CICCIGCAAIC		AGGAAGCTCTC		JICIGCIGCCA	CL	: 132
LpMDHh62 LpMDHh63							<b></b>		
TOMPH 102	:								• -

		*	880	*	900	*	920 *		
LpMDHh1	:							:	-
LpMDHh2	:							:	-
LpMDHh3	:							:	-
LpMDHh4	:							:	-
LpMDHh5	:							:	-
LpMDHh6	:							:	-
LpMDHh7	:							:	-
LpMDHh8	:							:	-
LpMDHh9	:							:	_
LpMDHh10	:							:	-
LpMDHh11	:							:	_
LpMDHh12	:							:	-
LpMDHh13	:							:	-
LpMDHh14	:							:	
LpMDHh15	:							:	-
LpMDHh16	:							:,	-
LpMDHh17	:							:	-
LpMDHh18	:							:	
LpMDHh19	:							•	-
LpMDHh20	:							<b>:</b> ,	-
LpMDHh21	:							• •	-
LpMDHh22	:							. :	-
LpMDHh23	:							• •	-
LpMDHh24	:							•	-
LpMDHh25	:							• :	-
LpMDHh26	:							• •	-
LpMDHh27	:							•	-
LpMDHh28	:							• :	-
LpMDHh29	:							•	•-
LpMDHh30	:							• :	-
LpMDHh31	:							• :	
LpMDHh32	:							• :	_
LpMDHh34	:							٠:	-
LpMDHh35	:							٠:	-
LpMDHh3.6	:							•	-
LpMDHh37	:							- :	-
LpMDHh38	:							• :	-
LpMDHh39	:							• :	-
LpMDHh40	:							- :	-
LpMDHh41	:							- :.	-
LpMDHh42	:							- :.	-
LpMDHh43	:							- :.	-
LpMDHh44	:							- :	-
LpMDHh45	:							- :	-
LpMDHh46	:							- :	-
LpMDHh47	:							- :.	. <b>-</b>
LpMDHh48	:							- :	-
LpMDHh49	:							- ::	
LpMDHh50	:							- :	_
LpMDHh51	:							- :	
LpMDHh52	:	CTGCTTG	TGACCACATCCG'	TGATT				- :	763
LpMDHh53	:								
LpMDHh54	:	CTGCTTG	TGACCACATCCG	GGATTGGGT	TCTCGGAACCCC	CTGANGGA	ACATTTGTTTCCAT	3 :	552
LpMDHh55	:	CTGCTTG	TGACCACATCCG'	TGATTGGGT	TCTUGGAACCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	<b>5</b> :	474
LpMDHh56	:	CTGCTTG	TGACCACATCCG'	TGATTGGGT	TCTCGGAACCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	G :	454
LpMDHh57	:	CTGCTTC	TGACCACATCCG	TGATTGGG1	TCTCGGAACCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	<b>:</b>	450
LpMDHh58	:	CTGCTTG	TGACCACATCCG	TGATTGGGT	PTCTCGGAACCCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	G:	253
LpMDHh59	:	CTGCTTG	STGACCACATCCG	TGATTGGGT	TTCTCGGAACCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	S :	235
LpMDHh60	:	CTGCTTC	TGACCACATCCG	TGATTGGGT	TTCTCGGAACCC	TGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	G:	199
LpMDHh61	:	CTGCTTC	TGACCACATCCG	TGATTGGGT	I'I'CTCGGAACCC	CTGAGGGA	ACATTTGTTTCCAT	덬 :	194
LpMDHh62	:							- :	-
LpMDHh63	:							- :	-

		940	*		960	*	980	*		
LpMDHh1 :									:	=
LpMDHh2 :			. <b></b>						:	-
LpMDHh3 :									:	-
LpMDHh4:									:	-
LpMDHh5 :									:	-
LpMDHh6 :									:	-
LpMDHh7:									:	-
LpMDHh8 :									:	-
LpMDHh9 :									:	-
LpMDHh10:									:	-
LpMDHh11:									:	-
LpMDHh12 :									:	-
LpMDHh13 :	:								:	-
LpMDHh14:	:								:	_
LpMDHh15 :	:								:	-
LpMDHh16:	:								:	-
LpMDHh17:	:								:	-
LpMDHh18:	:								:	-
LpMDHh19:	:								:	-
LpMDHh20:	:								;	-
LpMDHh21 :	:					·			:	-
LpMDHh22:	:								:	-
LpMDHh23 :	:								:	-
LpMDHh24:	:								:	_
LpMDHh25 :	:								:	_
LpMDHh26	:								:	-
LpMDHh27	:								•	
LpMDHh28	:								:	, <del>-</del>
LpMDHh29	:								•	_
LpMDHh30	:									_
LpMDHh31	:								•	_
LpMDHh32	:								:	_
LpMDHh34	:								:	_
LpMDHh35	:								:	_
LpMDHh36	:								:	_
LpMDHh37	:								:	_
LpMDHh38 LpMDHh39	:								•	_
LpMDHh40	:								•	_
LpMDHh41	•								-	_
LpMDHh42	•									٠ _
LpMDHh43	:								•	_
LpMDHh44	•								:	_
LpMDHh45	:								:	-
LpMDHh46	•							<b>-</b>	:	_
LpMDHh47	:								:	-
LpMDHh48	:				<b></b>				:	-
LpMDHh49	:							- <b></b>	:	-
LpMDHh50	:								. :	_
LpMDHh51	:								. :	-
LpMDHh52	:									-
LpMDHh53	:								:	-
_	:	GGTGTGTATTCTGATGG	NT	-ATACNO	GGTGCCT	GGTGGGCTTAT	CTACTCCTT	YCCAGNAAC	:	613
-	:	GGTGTGTATTCTGATGG	TT	CATACGO	STGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	536
•	:	GNTGTGTATTCTGATGC	TT	CATACGO	STGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	516
<del>-</del>	:	GGTGTGTATTCTGATGG	TT	CATACGO	GTGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	512
LpMDHh58	:	GGTGTGTATTCTGATGG	TT	CATACGO	GTGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	315
LpMDHh59	:	GGTGTGTATTCTGATGG	TT	CATACGO	GTGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	297
LpMDHh60	:	GGTGTGTATTCTGATGC	TT	CATACGO	GTGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	261
LpMDHh61	:	GGTGTGTATTCTGATGC	TT	CATACGO	GTGTGCCT	GCTGGGCTTAT	CTACTCCTT	CCCAGTAAC	:	256
LpMDHh62	:								:	-
LpMDHh63	:								• :	-
LoMDHh64	:								. :	-

		1000	*	1020	*	1040	*	
LpMDHh1 :	:							: -
LpMDHh2	:							: -
LpMDHh3	:							: -
LpMDHh4	:							: -
LpMDHh5	:							: -
LpMDHh6	:							: -
LpMDHh7	:							: -
LpMDHh8	:							: -
LpMDHh9	:							: -
LpMDHh10	:							: -
LpMDHh11	:							: -
LpMDHh12	:							: -
LpMDHh13	:							: -
LpMDHh14	:							: -
LpMDHh15	:							: -
LpMDHh16	:							: -
LpMDHh17	:							: -
LpMDHh18	:							: -
LpMDHh19	:							:
LpMDHh20	:							: -
LpMDHh21	:							: -
LpMDHh22	:							: -
LpMDHh23	:							: -
LpMDHh24	:							: -
LpMDHh25	:							: -
LpMDHh26	:							: -
LpMDHh27	:							: -
LpMDHh28	:							: -
LpMDHh29	:							: -
LpMDHh30	:							: -
LpMDHh31	:							: -
LpMDHh32	:							: -
LpMDHh34	:							: -
LpMDHh35	:							: -
LpMDHh36	:							: -
LpMDHh37	:							: -
LpMDHh38	:							: -
LpMDHh39	:							: -
LpMDHh40	:							-
LpMDHh41	:							:
LpMDHh42	:							: -
LpMDHh43	:							: -
LpMDHh44	:							: -
LpMDHh45	:							: -
LpMDHh46	:							: -
LpMDHh47	:							: -
LpMDHh48	:							: -
LpMDHh49	:							: -
LpMDHh50	:							: -
LpMDHh51	:							: -
LpMDHh52	:							: -
LpMDHh53	:							: -
LpMDHh54	:	TTGCTGNGGGGGG	GAATGGA	CAATTGNTCAA	<u> А</u> GGСТ <u>И</u> СС <u>И</u> АТ	'CNACNAGT	T	: 664
LpMDHh55	:	TTGCTGCGGTGGT						: 598
LpMDHh56	:	TTGCTGCGGTGGT						: 578
LpMDHh57	:	TTGCTGCGGTGGT						: 574
LpMDHh58	:	TTGCTGCGGTGGT						: 377
LpMDHh59	:	TTGCTGCGGTGGT	GAATGGA	CAATTGTTCAA	GGGCTCCCGGT	'CGACGAG'I	TCTCAAGAAAGA	: 359
LpMDHh60	:	TTGCTGCGGTGGT	GAATGGA	CAATTGTTCAA	GGGCTCCCGA1	'CGACGAGT	TCTCAAGAAAGA	: 323
LpMDHh61	:	TTGCTGCGGTGGT	GAATGGA	CAATTGTTCAA	GGGCTCCCGAT	'CGACGAG'I	TCTCAAGAAAGA	: 318
LpMDHh62	:				-CCTTCCCGAA	ACCCGAGT	TCTC-TTTTAG-	: 28
LpMDHh63	:							: -
LoMDHh64	:							: -

LpMDHh1 :	
LpMDHh3 :	
LpMDHh4 :	
LpMDHh5       :         LpMDHh6       :         LpMDHh7       :         LpMDHh8       :         LpMDHh9       :         LpMDHh10       :	
LpMDHh6       :	
LpMDHh7 ::: LpMDHh8 ::: LpMDHh9 ::: LpMDHh10 :::	- - - - -
LpMDHh8 : : LpMDHh9 : : LpMDHh10 : :	- - - - -
LpMDHh9 : : LpMDHh10 : :	- - - -
LpMDHh10 : :	- - - -
	- - - -
	- - - -
LpMDHh12 : :	- - -
LpMDHh13 :	- -
LpMDHh14 : :	_
LpMDHh15 : :	
LpMDHh16 ::	_
LpMDHh17 : :	_
LpMDHh18 : :	_
LpMDHh19 : :	_
LpMDHh20 : :	_
LpMDHh21 : :	_
LpMDHh22 : :	_
LpMDHh23 : :	-
LpMDHh24 : :	-
LpMDHh25 : :	-
LpMDHh26 : :	-
LpMDHh27 : :	-
LpMDHh28 : :	-
LpMDHh29 : :	-
LpMDHh30 :::	-
LpMDHh31 : :	-
LpMDHh32 : :	-
LpMDHh34 : :	-
LpMDHh35 : :	-
in the second se	-
LpMDHh37:::	-
LpMDHh38 : : LpMDHh39 : :	-
LpMDH139:::	_
LpMDHh41 : :	_
LpMDHh42 ::	_
LpMDHh43:::	_
LpMDHh44:::	_
LpMDHh45 : :	_
LpMDHh46:::	_
LpMDHh47 : :	_
LpMDHh48 : :	_
LpMDHh49 : :	-
LpMDHh50 : :	-
LpMDHh51 : :	-
LpMDHh52 : :	-
LpMDHh53 :::	-
LpMDHh54:::	-
LpMDHh55 : AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG : 66	
LpMDHh56: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGÑAGGAGAAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG: 64	_
LpMDHh57: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG : 63	
LpMDHh58: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG: 43  LpMDHh59: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAAGGCTCTÄGCCTACTCGTGCCTCGAG: 42	
•	
LpMDHh60: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG: 38  LpMDHh61: AGATGGATGCCACAGCCCAGGAGCTCTCGGAGGAGAAGGCTCTCGCCTACTCGTGCCTCGAG: 38	
7 15 4772	39
	38
LpMDHh64:	_

		1120	*	1140	*	1160	*	11	
LpMDHh1 :								:	-
LpMDHh2 :								:	-
LpMDHh3 :								:	: -
LpMDHh4 :								:	: -
LpMDHh5 :								:	-
LpMDHh6 :								:	: -
LpMDHh7 :	:						<del></del>	;	-
LpMDHh8 :								:	; -
LpMDHh9 :	:							;	
LpMDHh10 :	:							:	-
LpMDHh11 :	:							;	: -
LpMDHh12:	:		<b></b>						: -
LpMDHh13 :	:								: -
LpMDHh14:	:								: -
LpMDHh15 :	:								: -
LpMDHh16 :	:								: -
LpMDHh17:	:		. <b></b>						:
LpMDHh18:	:								: -
LpMDHh19 :	:								: -
LpMDHh20 :	:								: -
LpMDHh21 :	:		<b></b>						: -
LpMDHh22 :	:		<b>-</b>						: -
LpMDHh23 :	:								: -
LpMDHh24 :	:								: -
LpMDHh25 :	:								: -
LpMDHh26 :	:								: -
LpMDHh27	:								: -
LpMDHh28	:								: -
LpMDHh29	:								: -
LpMDHh30	:								; -
LpMDHh31	:								: -
LpMDHh32	:								: -
LpMDHh34	:								: -
LpMDHh35	:		<b></b>						: -
LpMDHh36	:								: -
LpMDHh37	:								: -
LpMDHh38	:								: -
LpMDHh39	:								: -
LpMDHh40	:								: -
LpMDHh41	:								: -
LpMDHh42	:								: -
LpMDHh43	:								: -
LpMDHh44	:								; -
LpMDHh45	:								: '-'
LpMDHh46	:								: -
LpMDHh47	:								: -
LpMDHh48	:								: -
LpMDHh49	:								: -
LpMDHh50	:								: -
LpMDHh51	:						·		: -
LpMDHh52	:				<del>-</del>				: -
LpMDHh53	:								: -
LpMDHh54	:							o comy	:
	:	TAACTGCATACC	AGGGAG(	CAGC'I'GCCGC'	NCTGATICTT	rrgaaraaa	AGGAACATTTTTG	3CIN	: 722
	:	TAACTGCATACC	AGGGAG(	CAGCTGLCGC	TOTAL CATE OF THE	LIGAATAAA	A-GNACATTTTG	MC T.M	: 701
	:	TAACTGCATACC	AGGGAG(						: 667
LpMDHh58	:	TAACTGCATACC	AGGGAG	CAGCTGCCGC	rctgatgi'i	TIGAATAAA	AGGAACATTTTG	GCTC	: 501
LpMDHh59	:	TAACTGCATACC							: 483
LpMDHh60	:	TAACTGCATACC							: 447
LpMDHh61	:	TAACTGCATACC							: 442
LpMDHh62	:	TAACTGCATACC	AGGGAG	CAGCTGCCGC	TCTGATGTT	TTGAATAAA	AGGAACATTTT1G	GCTC	: 151
LpMDHh63	:	TAACTGCATACC	AGGGAG	CAGCTGCCGC	rctgatgtt	r rgaa'raaa	AGGAACATTTTTG	GCT.C	: 100

LpMDHh1 :	
LpMDHh2 ::	-
	-
LpMDHh3 :	_
LpMDHh4 ::	-
LpMDHh5 :::	-
LpMDHh6 ::	-
LpMDHh7 ::	-
LpMDHh8 :	-
LpMDHh9 :	-
LpMDHh10:	-
LpMDHhl1:	<u>-</u>
LpMDHh12:	_
LpMDHh13 :	_
LpMDHh14::	_
LpMDHh15 ::: LpMDHh16 :::	_
LpMDHh17::	-
LpMDHh18::::	_
LpMDHh19 :	_
LpMDHh20:	_
LpMDHh21:	_
LpMDHh22:	_
LpMOHh23 :	-
LpMDHh24 :	-
LpMDHh25 :	-
LpMDHh26::	-
LpMDHh27::	-
LpMDHh28 :	-
LpMDHh29 :	-
LpMDHh30,:	: -
LpMDHh31:	-
LpMDHh32:	: -
LpMDHh34 :	: <del>-</del>
LpMDHh35 :	_
LpMDHh36:	
LpMDHh37:	• -
LpMDHh38:	· -
LpMDHh39:	
LpMDHh41:	· : -
LpMDHh42:	
LpMDHh43:	: -
LpMDHh44:	
LpMDHh45:	: -
LpMDHh46:	: -
LpMDHh47 :	: -
LpMDHh48 :	: -
LpMDHh49:	: -
LpMDHh50 :	: -
LpMDHh51 :	: -
LpMDHh52 :	: -
LpMDHh53 :	: -
LpMDHh54 :	
I.DMDHh55 :   CATCATACTICATI	: 734 : 705
	: /05
LpMDHh56 : CATG	: -
LpMDHh56 : CATG	. 567
LpMDHh56: CATG	: 563
LpMDHh56 : CATG	: 545
LpMDHh56 : CATG	: 545 : 509
LpMDHh56 : CATG	: 545 : 509 : 504
LpMDHh56 : CATG	: 545 : 509 : 504

LpMDHh12 :			*	1260	*	1280	*	1300		
LpMBH3   LpMBH3   LpMBH5   LpMBH6   LpMBH6   LpMBH6   LpMBH6   LpMBH6   LpMBH6   LpMBH7   LpMBH6   LpMBH7   LpMBH8   LpMBH8   LpMBH8   LpMBH8   LpMBH8   LpMBH8   LpMBH10   LpMBH11   LpMBH11   LpMBH112   LpMBH113   LpMBH114   LpMBH115   LpMBH116   LpMBH116   LpMBH118   LpMBH12   LpMBH13   LpMBH14   LpMBH15   LpMBH14   LpMBH15   LpMBH16   Lp	LpMDHh1 :	:							:	-
LpMDBH5   LpMDBH5   LpMDBH5   LpMDBH7   LpMDBH8   LpMDBH7   LpMDBH8   LpMDBH8   LpMDBH8   LpMDBH8   LpMDBH11   LpMDBH13   LpMDBH13   LpMDBH13   LpMDBH14   LpMDBH16   LpMDBH18		:							:	-
LpMDHh6 :		:							:	-
LPMORIN :		:							:	-
LpMORIN :		:							:	_
LpMDHh9 :		:							:	_
LPMOHIN 0:	-	:							:	_
LpMOHh10 :		:							:	_
LpMDHh11		:							•	_
LpMDHh13 :	PDWDHUTO	:							:	_
LpMDHh14		:								••
LpMPHh14 :		:							:	_
LpMDHh16 :		:							:	_
LpMDHh16 : LpMDHh17 : LpMDHh19 : LpMDHh21 : LpMDHh21 : LpMDHh22 : LpMDHh23 : LpMDHh24 : LpMDHh26 : LpMDHh26 : LpMDHh27 : LpMDHh27 : LpMDHh27 : LpMDHh27 : LpMDHh28 : LpMDHh29 : LpMDHh29 : LpMDHh29 : LpMDHh29 : LpMDHh29 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh31 : LpMDHh31 : LpMDHh31 : LpMDHh31 : LpMDHh32 : LpMDHh34 : LpMDHh34 : LpMDHh34 : LpMDHh36 : LpMDHh36 : LpMDHh36 : LpMDHh36 : LpMDHh37 : LpMDHh38 : LpMDHh38 : LpMDHh39 : LpMDHh39 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh30 : LpMDHh31 : LpMDHh30 : LpMDHh31 : LpMDHh30 :		:							:	-
LpMDHh17		:							:	-
LpMDH19 :		:							:	-
LpMDHh19 :		:							:	-
LpMDHh20: LpMDHh21: LpMDHh22: LpMDHh23: LpMDHh24: LpMDHh26: LpMDHh26: LpMDHh28: LpMDHh28: LpMDHh28: LpMDHh28: LpMDHh28: LpMDHh30: LpMDHh31: LpMDHh31: LpMDHh31: LpMDHh31: LpMDHh31: LpMDHh31: LpMDHh32: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh34: LpMDHh36: LpMDHh38: LpMDHh38: LpMDHh38: LpMDHh39: LpMDHh39: LpMDHh39: LpMDHh40: LpMDHh41: LpMDH41: LpMDH41		:							:	-
LpMDHh121 :		:							:	
LpMDHh24 :		:							:	-
LpMDHh24 :	LpMDHh22	:							· <b>:</b>	-
LpMDHh25 :		:							:	-
LpMDHh26 :		:							:	-
LpMDHh27 :		:							:	-
LpMDHh28 :		:							:	_
LpMDHh30 :		:							:	· <del>-</del>
LpMDHh30 : LpMDHh31 : LpMDHh32 : LpMDHh35 : LpMDHh36 : LpMDHh37 : LpMDHh38 : LpMDHh39 : LpMDHh39 : LpMDHh41 : LpMDHh41 : LpMDHh41 : LpMDHh41 : LpMDHh42 : LpMDHh41 : LpMDHh42 : LpMDHh43 : LpMDHh45 : LpMDHh51 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh46 : LpMDHh46 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh52 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDH56 : LpMD		:							•	_
LpMDHh31 :		:								_
LpMDHh32 :		:		<b></b>						_
LpMDHh34         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :         :<		:							:	_
LpMDHh35         :           LpMDHh36         :           LpMDHh37         :           LpMDHh38         :           LpMDHh39         :           LpMDHh41         :           LpMDHh42         :           LpMDHh43         :           LpMDHh44         :           LpMDHh45         :           LpMDHh46         :           LpMDHh49         :           LpMDHh50         :           LpMDHh51         :           LpMDHh52         :           LpMDHh53         :           LpMDHh54         :           LpMDHh55         :           LpMDHh51         :           LpMDHh53         :           LpMDHh54         :           LpMDHh55         :           LpMDHh56         :           LpMDHh57         :           LpMDHh58         :           LpMDHh59         :           LpMDHh59         :           LpMDHh60         :           LpMDHh61         :           LpMDHh62         :           LpMDHh63         :           TGTGTATGANTGAGGCTTTTTGACCTCTATTTTCCCCTG		:							:	
LpMDHh36 : LpMDHh37 : LpMDHh39 : LpMDHh40 : LpMDHh41 : LpMDHh43 : LpMDHh44 : LpMDHh44 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh52 : LpMDHh53 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : LpMDHh58 : LpMDHh59 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh53 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : LpMDHh58 : LpMDHh59 : LpMDHh59 : LpMDHh59 : LpMDHh50 : LpMDHh61 : LpMDHh62 : LpMDHh62 : LpMDHh63 : LpMDHh63 : LpMDHh63 : LpMDHh63 : LpMDHh63 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh65 : LpMDHh65 : LpMDHh65 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh65 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh65 : LpMDHh64 :		:							:	_
LpMDHh38		:							:	_
LpMDHh38 : LpMDHh40 : LpMDHh41 : LpMDHh42 : LpMDHh43 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh45 : LpMDHh46 : LpMDHh46 : LpMDHh47 : LpMDHh47 : LpMDHh48 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh52 : LpMDHh52 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : LpMDHh56 : LpMDHh59 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : LpMDHh59 : LpMDHh60 : LpMDHh60 : LpMDHh60 : LpMDHh61 : LpMDHh61 : LpMDHh61 : LpMDHh62 : LpMDHh62 : LpMDHh62 : LpMDHh62 : LpMDHh63 : LpMDHh64 : LpMDHh64 : LpMDHh65 : LpMDHh64 : LpMDHh65 : LpMDHh65 : LpMDHh66 : LpMDHADH :		:							:	-
LpMDHh40: LpMDHh41: LpMDHh42: LpMDHh43: LpMDHh44: LpMDHh45: LpMDHh45: LpMDHh46: LpMDHh47: LpMDHh48: LpMDHh49: LpMDHh50: LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh54: LpMDHh54: LpMDHh54: LpMDHh54: LpMDHh54: LpMDHh54: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh63: LpMDHh63: LpMDHh64: LpMDHh66: LpMDHh		:							:	-
LpMDHh40		:							:	-
LpMDHh41            LpMDHh43            LpMDHh44            LpMDHh45            LpMDHh47            LpMDHh48            LpMDHh50            LpMDHh51            LpMDHh52            LpMDHh53            LpMDHh54            LpMDHh55            LpMDHh56            LpMDHh57            LpMDHh58            LpMDHh59            LpMDHh60            LpMDHh61            LpMDHh61            LpMDHh62            LpMDHh63            LpMDHh64            LpMDHh65            LpMDH66            LpMDH66            LpMDH62            LpMDH63            LpMDH63            LpMDH63            LpMDH64            LpMDH65 <t< td=""><td></td><td>:</td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td>:</td><td>-</td></t<>		:							:	-
LpMDHh42 :         LpMDHh43 :           LpMDHh44 :            LpMDHh45 :            LpMDHh46 :            LpMDHh47 :            LpMDHh48 :            LpMDHh50 :            LpMDHh51 :            LpMDHh52 :            LpMDHh53 :            LpMDHh54 :            LpMDHh55 :            LpMDHh56 :            LpMDHh57 :            LpMDHh58 :            LpMDHh59 :            LpMDHh50 :            LpMDHh51 :            LpMDHh55 :            LpMDHh56 :            LpMDHh57 :            LpMDHh58 :            LpMDHh59 :            LpMDHh61 :            TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG            LpMDH62 :             LpMDH63 :             LpMDH63 :		:					<del>-</del>		:	-
LpMDHh44 : LpMDHh46 : LpMDHh47 : LpMDHh48 : LpMDHh49 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh52 : LpMDHh52 : LpMDHh52 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh54 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh54 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh58 : LpMDHh58 : LpMDHh58 : LpMDHh59 : LpMDH59 : LpMDH5		:							:	-
LpMDHh45 : LpMDHh46 : LpMDHh48 : LpMDHh49 : LpMDHh50 : LpMDHh51 : LpMDHh51 : LpMDHh53 : LpMDHh53 : LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG : CpMDHh60 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 571	LpMDHh43	:							:	
LpMDHh46: LpMDHh47: LpMDHh48: LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh54: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh63: LpMDHh	LpMDHh44	:							:	- '
LpMDHh47: LpMDHh48: LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 607 LpMDHh60: LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh61: LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 572 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 573 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 574 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 575 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 576 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 576 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTTTTAGCTCTTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 577 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	LpMDHh45	:							:	-
LpMDHh48: LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 625 LpMDHh59: LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566	-	:							:	_
LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh53: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: LpMDHh58: LpMDHh58: LpMDHh58: LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh62: LpMDHh62: LpMDHh63: LpMDHA		:							:	
LpMDHh50: LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh54: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 625 LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh61: LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 575 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 5275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 5275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 5275		:								_
LpMDHh51: LpMDHh52: LpMDHh53: LpMDHh54: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 275 LpMDHh63:		:							:	_
LpMDHh52: LpMDHh54: LpMDHh55: LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh59: LpMDHh59: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh62: LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 571 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 572 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 575 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 575 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 576		:							•	_
LpMDHh53 : LpMDHh54 : LpMDHh55 : LpMDHh56 : LpMDHh57 : LpMDHh57 : LpMDHh58 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 625 LpMDHh59 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 607 LpMDHh60 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 571 LpMDHh61 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 566 LpMDHh62 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 275 LpMDHh63 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG : 224		•							:	_
LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh57: LpMDHh58: LpMDHh59: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh60: LpMDHh61: LpMDHh61: LpMDHh62: LpMDHh63: LpMDHH									:	_
LpMDHh55: LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh63: TGTGTATGAÄTGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG 224		:							:	_
LpMDHh56: LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh63: TGTGTATGAMTGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG LpMDHh63: TGTGTATGAMTGAGGCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT		:				L			:	-
LpMDHh57: LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 625 LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 607 LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 571 LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 224	LoMDHh56	:							:	-
LpMDHh58: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 625 LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 607 LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 571 LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 224									:	-
LpMDHh59: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG: 607 LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG: 571 LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 566 LpMDHh62: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 224		:	TGTGTATGAATGAG	GCTTTTGTAGCT	CTATTTTC	GCCTGATGA	TTTACAGGACA	AGGATATTG	:	
LpMDHh60: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG: 571 LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG: 566 LpMDHh62: TGTGTATGAMTGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 224	LpMDHh59	:	TGTGTATGAATGAG	GCTTTTGTAGCT	CTATTTTC	GCCTGATGA	TTTACAGGACA	AGGATATTG		
LpMDHh61: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCGCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 566 LpMDHh62: TGTGTATGAMTGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 275 LpMDHh63: TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTTACAGGACAGGATATTG: 224		:	TGTGTATGAATGAC	GCTTTTGTAGCT	CTATTTTC	GCCTGATGA	TTTACAGGAC	AGGATATTG		
LPMDHh63 : TGTGTATGAATGAGGCTTTTGTAGCTCTATTTTCGCCTGATGATTACAGGACAGGATATTG : 224		:	TGTGTATGAATGAC	GCTTTTGTAGCG	CTATTTTC	GCCTGATGA	TTTACAGGAC	AGGATATTG		
		:	TGTGTATGAÑTGAC	GCTTTTGTAGCT	CTATTTTC	GCCTGATGA	TTTACAGGAC	AGGATATTG		
LpMDHh64:GNAXGNAGCTTTTTGTAGCTCTATTTTTCGCCTGNAGATTTTACAGGACAGG		:	TGTGTATGAATGAC	GCTTTTGTAGCT	CTATTTTC	GCCTGATGA	I"I"I'ACAGGAC/	GGATATTG		
	LpMDHh64	:	GNAAGNA	GCTTTTTGTAGCT	CTATTTC	GCCTGNAGA	TTTACAGGACA	AGGATATTG	•	25

		*	1320	*	1340	*	1360
LpMDHh1	:						
LpMDHh2	:						
LpMDHh3	:						
LpMDHh4	:						
LpMDHh5	:						
LpMDHh6	:						
LpMDHh7	:						
LpMDHh8							
LpMDHh9	:						
LpMDHh10	:						
LpMDHh11	:						
LpMDHh112	•						
	•						
LpMDHh13	:						
LpMDHh14	•						
LpMDHh15	:						
LpMDHh16	:						
LpMDHh17	:						
LpMDHh18	:						
LpMDHh19	:						
LpMDHh20	:						
LpMDHh21	:						
LpMDHh22	:						
LpMDHh23	:						
LpMDHh24	:						
LpMDHh25	:						
LpMDHh26	:						
LpMDHh27	:						
LpMDHh28	:						
LpMDHh29	:						
LpMDHh30	:						
LpMDHh31	•						
LpMDHh32							
LpMDHh34	:						
LpMDHh35	:						
LpMDHh36	:						
LpMDHh37	•						
	•						
LpMDHh38	:						
LpMDHh39	:						
LpMDHh40	:						
LpMDHh41	:						
LpMDHh42	:						
LpMDHh43	:						
LpMDHh44	:						
LpMDHh45	:						
LpMDHh46	:						
LpMDHh47	:						
LpMDHh48	:						
LpMDHh49	:						
LpMDHh50	:						
LpMDHh51	:						
LpMDHh52	:			<b>.</b>			
LpMDHh53	:						
LpMDHh54	:						
LpMDHh55	•						
LpMDHh56							
LpMDHh57							
LpMDHh58	:	CCACCAACA	TTGGAACAATTTGA				
LpMDHh59	:	CCACCAACA	TTGGAACAATTTGA TTGGAACAATTTGA	CCTCTCA	TTANACCAAC		
בנונתשיייטים	-	CCACCAAGA	rtggaacaattiga rtggaacaatttga	CCTCTCA	TTAAAACCA		тестепетет
	:	CCACCAAGA	rTGGAACAATTTGA RTGGAACAATTTGA	CCTCTCA	TTANAACCAAC		recreaters
LpMDHh60	-	GCAGGAAGA:	I I GGAACAAT I I GA	CGICIGA:	LIAAAACCAAC		
LpMDHh60 LpMDHh61	:	007007707		COMORGA			
LpMDHh60 LpMDHh61 LpMDHh62	:	GCAGGAAGA'	TTGGAACAATTTGA	ACGTCTGA	TTAAAACCAAC	CTCTTATTAT	
LpMDHh60 LpMDHh61	:	GCAGGAAGA'	ITGGAACAATTTGA ITGGAACAATTTGA ITGGAACAATTTGA	ACGTCTGA	CAAAAAAAAAA		

		*	1380	*	1400	*	1420		
LpMDHh1	:							:	-
-F	:				·			:	_
LpMDHh3	:							:	-
-p	:							:	-
LpMDHh5	:							:	-
LpMDHh6	:							:	
LpMDHh7	:							:	-
LpMDHh8	:							:	-
LpMDHh9	:							:	-
	:							:	-
	:							:	-
	:							:	_
LpMDHh13	:							•	_
LpMDHh14	:							:	_
LpMDHh15	:				<b></b>			•	_
LpMDHh16	:							:	_
LpMDHh17	:							:	_
LpMDHh18	:							:	_
LpMDHh19	:							:	_
LpMDHh20	:							:	_
LpMDHh21 LpMDHh22	•							:	_
LpMDHh23	:							:	_
LpMDHh24	:							:	_
LpMDHh25	:							:	_
LpMDHh26	:							:	_
LpMDHh27	:							:	-
LpMDHh28	:							:	_
LpMDHh29								:	_
LpMDHh30	•							:	-
LpMDHh31	:							:	-
LpMDHh32	•							:	-
LpMDHh34	:							:	-
LpMDHh35	•:							:	-
LpMDHh36	••							:	-
LpMDHh37	٠.							:	-
LpMDHh38	:							:	-
LpMDHh39	:							:	-
LpMDHh40	:							:	-
LpMDHh41	:							:	-
LpMDHh42	:							:	-
LpMDHh43	:							:	-
LpMDHh44	:							:	-
LpMDHh45	:							:	_
LpMDHh46	:							:	-
LpMDHh47	:								_
LpMDHh48	:							•	_
LpMDHh49	:							:	_
LpMDHh50	:							:	_
LpMDHh51	:							:	_
LpMDHh52 LpMDHh53	•							:	_
LpMDHh54	:							:	_
LoMDHh55	•							:	_
LpMDHh56	:							:	_
LpMDHh57	:							:	_
LpMDHh58	•	TGAATGAG	GCTTTTGTAG	TCTATTTCGC	CTGATGA	TTTACAGGC <u>C</u> A	TGATATTGGCAGG-		748
LpMDHh59	:							:	
LpMDHh60		TGAATGAG	GCTTTTGTAGC				TGATATTGGCAGGA	:	695
LpMDHh61	:							:	-
LpMDHh62	:	TGAATGAG	GCTTTTGTAG	CTCTATTTTCG	CCTGATGA	TTTACAGGACA	TGATATTGGCAGGA	:	399
LpMDHh63	:							:	_
LpMDHh64		TGAATGAG	GCTTTTGTAG	TCTATTTTCG	CCTGATGA	TTTACAGGCCA	.CGATATTGGCAGGA	:	178

		* 1440	*	1460	*	1480		
LpMDHh1 :	:						:	-
LpMDHh2	:						:	-
LpMDHh3	:						:	-
LpMDHh4	:						:	-
LpMDHh5	:						:	-
LpMDHh6	:						:	-
LpMDHh7	:						:	-
LpMDHh8	:						:	-
	:						:	-
	:						:	-
	:						:	-
LpMDHh12	:						:	-
LpMDHh13	:						:	_
LpMDHh14	:						:	-
LpMDHh15	:						:	-
LpMDHh16	:		<del></del>				:	-
LpMDHh17	:						:	-
LpMDHh18	:						:	-
LpMDHh19	:						:	-
LpMDHh20	:						:	-
LpMDHh21	:						:	_
LpMDHh22	:						:	-
LpMDHh23	:						:	_
LpMDHh24	:						:	-
LpMDHh25	:		<b>-</b>				:	_
LpMDHh26	:						:	-
LpMDHh27	:						:	-
LpMDHh28	:						:	-
LpMDHh29	:						:	_
LpMDHh30	:						:	-
LpMDHh31	:						:	-
LpMDHh32	:						:	-
LpMDHh34	:						:	-
LpMDHh35	:					<b>-</b>	:	_
LpMDHh36	:						:	_
LpMDHh37	:						:	-
LpMDHh38	:						:	-
LpMDHh39	:						:	-
LpMDHh40	:						:	-
LpMDHh41	:						:	
LpMDHh42	:						:	-
LpMDHh43	:						:	-
LpMDHh44	:						:	-
LpMDHh45	:						:	-
LpMDHh46	:						:	-
LpMDHh47	:		·				:	-
LpMDHh48	:						:	-
LpMDHh49	:						:	-
LpMDHh50	:						:	-
LpMDHh51	:		·				:	_
LpMDHh52	:		·				:	-
LpMDHh53	:						:	-
LpMDHh54	:						:	_
LpMDHh55	:						:	-
LpMDHh56	:						:	-
LpMDHh57	:						:	-
LpMDHh58	:						:	-
LpMDHh59	:						:	
LpMDHh60	:	GGATTGGAACAATTTGAC	CCTGATT.	AAAACCAACCTC	TTATTACTA	AAAAAA	:	750
LpMDHh61	:						:	-
LpMDHh62	:	GGAT'TGGAACAANNANANI	<u> </u>				:	418
LpMDHh63	:							
LOMDHh64	•	GGATTGGAACAATTTGAC	GCCTGATT	AAAACCAACCTC	TTATTATTC	LAAAAAAAA	:	236

			*	20	*	40	*	60		
LpMDHi	:	GTNCATAAA	GCTGCCCA	AAGCAATNCGT	SNAATATTA	ATCAGTAACCCT	GTCAATTCT	ACC	:	60
LpMDHi	:	GTACCAATT	* GCTGCTGA	80 AGTATTTAAAA	* AAGCTGGG!	100 ACATACAATNCT.	•	120 TTG	: :	120
LaMDHi		CCCCTTCAC	* 'Δ	140 GATGNNANTGA	* CAGACCNTO	160 CTCTTNGNNGN	* CGAGGTNCN	: 1	L77	

#### 69/241

* 20 * 40 * LpMDHi : XHKAAQSNXXNIISNPVNSTVPIAAEVFKKAGTYNXKRLLGVDNXXMXXTDXALXXRG : 58

- MDII-		* ANAAAGGAGCCGACG	20	* \ር!እ አመጥሮሮ ልጥር	40 'TGCTNIDCTC'	* TGCCACCACCC	60 ממיים ממ		60
ribunu 1	:	AIVAAAGGAGCCGACC	CAGGGGCC	IOAAT I CCAT		10041041000		•	•••
LpMDHj	:	* GGACATGGCGTCAGG	80 CTGTTACAAT(	* CAGTTCAGTC	100 AGCGCGCAGG	* CCGCTTTGGTI	120 TCAAA	:	120
LpMDHj	:	* ACCAAGGAACCATGO	140 GCAGCACGAG	* CTACAGTGGC	160 CTAAAGGCAT	* CATCGTCGTCG	180 ATCAG	:	180
LpMDHj	:	· * CTTCGAATCAGGAA	200 CATCATTCCT	* GGGCAAGACC	220 FCCTCCCTCC	* GGGCAACTGTT	240 ACCAC	:	240
LpMDHj	:	* AAGGGTTGTGCCAA	260 AGGCGAAGTC	* rgggtcgcaga	280 ATATCGCCTC	* AGGCATCTTAC	300 CAAGGT	:	300
ьрмонј	:	* GGCGGTGCTTGGTGG	320 CTGCTGGTGG	* CATCGGTCAA	340 CCACTGGGCC	* TGCTGATCAAG	360 ATGTC	:	360
LрMDHj	:	* TCCTCTGGTCTCGG	380 AGCTGCGCCT	* GTATGATATC	400 GCGAATGTCA	* AGGGCGTCGCT	420 GCAGA	:	420
LрMDHj	:	* TCTCAGCCACTGCA	440 ACACGCCTGC	* TCAGGTCATG	460 GACTTCACTG	* GCCCCGCAGAG		:	480
LpMDHj	:	* AGAGTGCTTGAAAG	500 GTGTGGATGT	.* TGTCGTCATC	520 CCTGCGGGTG	* TCCCAAGGAAG	540 SCCAGG	:	540
LpMDHj	:	* CATGACCCGTGATG	560 ACCTTTTTAA	* CATNAATGCG	580 GGAATCGNCA	* AGTCGCTTATT	600 GAGGC	:	600
LpMDHj	:	* TGTTGCAGACAATT	620 GCCCTGAGGG	* CCTTATTCAT	640 ATCATCAACA	* ACCCCGGTCAI	660 AACTCC	:	660
LpMDHj	:	CCCT : 664							

		*	20	*	40	*	60	
LpMDHj	:	XRSRRRGAEFHLXTLPI	PKLDMASAVTIS	SSVSAQAAI	LVSKPRNHGSTS	(SGLKASSS	SIS :	60
LpMDHj	:	* FESGTSFLGKTASLRAT	80 TVTTRVVPKAKSO	* GSQISPQAS	100 SYKVAVLGAAGG		120 KMS :	120
LpMDHj	:	* PLVSELRLYDIANVKGV	140 /AADLSHCNTPA(	* QVMDFTGP	160 AELAECLKGVDVV		180 KPG :	180
LpMDHj	:	* MTRDDLFNXNAGIXKSI	200 JIEAVADNCPEGI	* LIHIINNPO	220 GQTPP : 221			

# 72/241

LpMDHk	:	* 20 * 40 * 60 TNTTTANCCCNCCAANTATCCAGNANCCACCTGGCCCTACACANAANAAAAAAAAAA	:	60
LpMDHk	:	* 80 * 100 * 120 AACCAGNACGCAAGGGGCGAGCCGGGGCGCACGCAATTCCCATCTGCTCACCAACCC	:	120
LpMDHk	:	* 140 * 160 * 180 AAGTTGGAGATGGCATCAGCTGTTACCATCAGCTCAGTCAG	:	180
LpMDHk	:	* 200 * 220 * 240 TCGAAACCAAGGAATCATGGCAGCACAAGCTACAGTGGCCTAAAGGCATCATCGTCG	:	240
LpMDHk	:	* 260 * 280 * 300 ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCCAAGACCGCCTCTCTCGGGCGACTATC	· <b>:</b>	300
LpMDHk	:	* 320 * 340 * 360 ACCTCAAGGATTGTGCCAAAGGCAAAGTCTGGGTCTCAGATATCACCTCAGGCCTCGTAC	:	360
LpMDHk	:	* 380 * 400 * 420 AAGGTGGCGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG	:	420
LpMDHk	:	* 440 * 460 * 480 ATGTCTCCTCTGGTCTCAGAGCTGCGCCTGTATGATATTGCCAATGTCAAGGGAGTCGCT	:	480
LpMDHk	:	* 500 * 520 * 540 GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA	:	540
LpMDHk	:	* 560 * 580 * 600 CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG .	:	600
LpMDHk	:	* 620 * 640 * 660 CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT	:	660
LpMDHk	:	* 680 * 700 * 720 GAGGCTGTTGCAGACAACTGCCCTGAGGCCTTCATCCATATCATCAGCAACCCGGTCAAC	:	720
LpMDHk	:	* 740 * 760 * 780  TCCACTGTGCCGATTGCTGAGATTCTGAAACAGAAGGGCGTCTACAACCCCAAGAAG	:	780
LpMDHk	:	* 800 * 820 * 840 CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCAGAAGAAG	:	840
LpMDHk	:	* 860 * 880 * 900 AACCTCAGCCTCATCGATGTTGATGTCCCAGTTGTCGGTGGCCATGCTGGGATCACGATT	:	900

# FIGURE 35

## 73/241

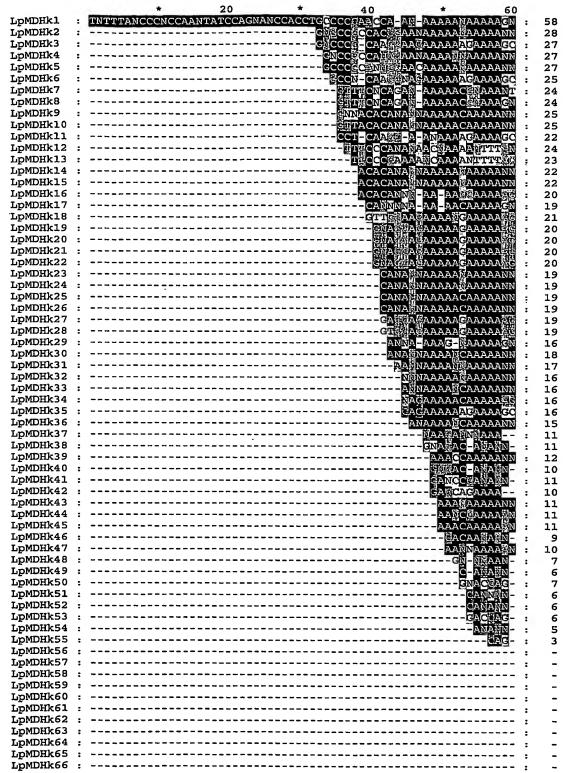
		* 920 * 940 * 960	
LpMDHk	:	CTGCCTCTGTTGTCCAAGACTAGGCCTTCTGTCAGCTTCACGGACGAAAACTGAACAG	: 960
		* 980 * 1000 * 1020	
LpMDHk	:	CTGACAAAGAGGATACAGAACGCTGGGACAGAGGCGGTGGAGGCGAAGGCTGGTGCTGGC	:1020
		* 1040 * 1060 * 1080	
LpMDHk	:	TCTGCTACTCTGTCCATGGCTTATGCCGCTGCCAGATTTGTTGAGTCATCGCTCCGCGCA	:1080
		. * 1100 * 1120 * 1140	
LpMDHk	:	ATGGCTGGTGATCCAGATGTTTACGAGTGCACGTATGTTCAGTCTGAGTTAACAGAGCTT .	:1140
		* 1160 * 1180 * 1200	
LpMDHk	:	CCATTCTTCGCGTCCAGAGTTAAGCTTGGGAAGGACGGNGTTGAGTCCATCATTTCCTCC	:1200
		* 1220 * 1240 * 1260	
LpMDHk	:	GACCTGGAGGGAGTGACGAGTACGAGGCCAAGGCGCTTGANGCATTGAAGGCTGAGCTG	:1260

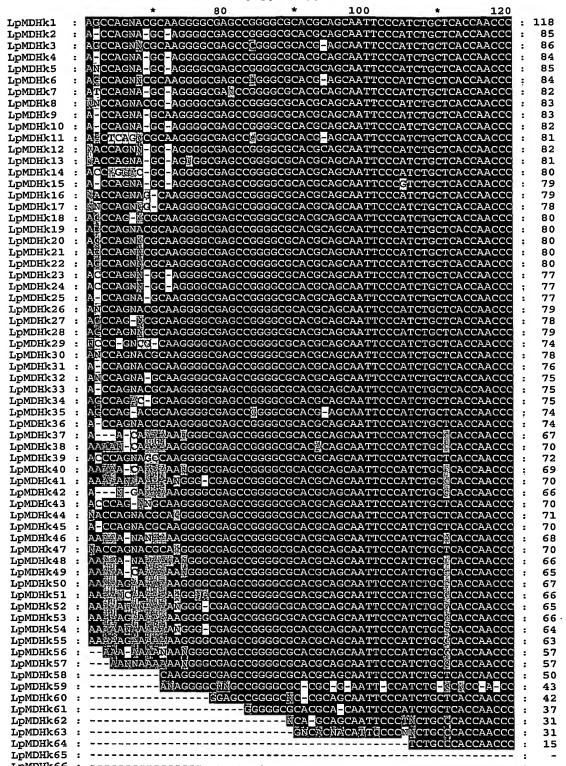
LpMDHk : AAG : 1263

FIGURE 35 (cont.)

		* 20 * 40 * 60		
LpMDHk	:	XLXXQXSXXHLALHXXKTKXNQXARGEPGRTQQFPSAHQPKLEMASAVTISSVSAQAALV	:	60
LpMDHk	:	* 80 * 100 * 120 SKPRNHGSTSYSGLKASSSSISFESGTSFLGKTASLRATITSRIVPKAKSGSQISPQASY	:	120
		* 140 * 160 * 180		
LpMDHk	:	KVAVLGAAGGIGQPLGLLIKMSPLVSELRLYDIANVKGVAADLSHCNTPSQVMDFTGPAE	:	180
LpMDHk	:	* 200 * 220 * 240 LADCLKGVDVVVIPAGVPRKPGMTRDDLFNINAGIVKSLIEAVADNCPEAFIHIISNPVN	:	240
LpMDHk	:	* 260 * 280 .* 300 STVPIAAEILKQKGVYNPKKLFGVSTLDVVRANTFVAQKKNLSLIDVDVPVVGGHAGITI	:	300
LpMDHk	:	* 320 * 340 * 360 LPLLSKTRPSVSFTDEETEQLTKRIQNAGTEAVEAKAGAGSATLSMAYAAARFVESSLRA	:	360
LpMDHk	:	* 380 * 400 * 420 MAGDPDVYECTYVQSELTELPFFASRVKLGKDXVESIISSDLEGVTEYEAKALXALKAEL .	:	420
LoMDHk	•	к : 421		







	*	140	*	160	*	180		
LpMDHk1 :	AAGTTGGAGATGG						178	
LpMDHk2 :	AAGTTGGAGATGG						145	
LpMDHk3 :	aagttgga <u>d</u> atgg						146	
LpMDHk4 :	AAGTTGGAGATGG						144	
LpMDHk5 :	AAGTTGGAGATGG						145	
LpMDHk6 :	aagttgga <u>@</u> atgg						144	
LpMDHk7:	AAGTTGGAGATGG						142	
LpMDHk8 :	AAGTTGGAGATGG						: 143	
LpMDHk9:	AAGTTGGAGATGG						: 143	
LpMDHk10 :	AAGTTGGAGATGG						142	
LpMDHk11 :	AAGTTGGNATGG						: 141	
LpMDHk12 :	AAGTTGGGGATGG						: 142.	
LpMDHk13:	AAGTTGGAGATGG AAGTTGGAGATGG						: 141 : 140	
LpMDHk14 : LpMDHk15 :	AAGTTGGAGATGG						: 139	
LpMDHk16 :	AAGTTGGAGATGG						: 139	
LpMDHk17:	AAGTTGGAGATGG						: 138	
LpMDHk18:	AAGTTGGAGATGG						140	
LpMDHk19 :	AAGTTGGAGATGG				200		140	
LpMDHk20 :	AAGTTGGAGATGG						140	
LpMDHk21 :	AAGTTGGAGATGG						140	
LpMDHk22 :	AAGTTGGAGATGG						: 140	
LpMDHk23 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CATCAGCTCA	GTCAGCGCGCA	GCCGCTT'	TGGTC :	: 137	
LpMDHk24 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CATCAGCTCA	GTCAGCGCGCAG	GCCGCTT'	IGGIC	: 137	
LpMDHk25 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CATCAGCTCA	GTCAGCGCGCAG	GCCGCTT'	IGGTC :	: 137	
LpMDHk26 :	AAGTTGGAGATGG					222.0	: 139	
LpMDHk27:	AAGTTGGAGATGG						: 138	
LpMDHk28 :	AAGTTGGAGATGG						: 139	
LpMDHk29 :	AAGTTGGEGATGG					_	: 134	
LpMDHk30 :	AAGTTGGAGATGG						: 138	
LpMDHk31 :	AAGTTGGAGATGG						: 136	
LpMDHk32:	AAGTTGGAGATGG			AND CO.			: 135	
LpMDHk33 : LpMDHk34 :	AAGTTGGAGATGG AAGTTGGAGATGG			Ancel			: 135 : 135	
LpMDHk35 :	AAGTTGGAGATGG AAGTTGGAGATGG						: 134	
LpMDHk36 :	AAGTTGGAGATGG						: 134	
LpMDHk37 :	AAGTTGGAAATGG	***	***				: 127	
LpMDHk38 :	136	2512	92.8	GTCAGCGC	100		: 130	
LpMDHk39 :	AAGTTGGAGATGG	All Aug					: 132	
LpMDHk40 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTAAC	CCATCAGATCA	AGTCAGCGC@CA	GCCGCT[[]	TGGTĞ	: 129	,
LpMDHk41 :	AAGTTGGA@ATGG	CATCAGCTGTĜAC	CATCAGNTCA	AGTCAGCGC@CA	GGCCGCT	TGGTG	: 130	ļ
LpMDHk42 :	AAGTTGGAĞATGG	CATCAGCTGjjjjac	CATCAGÄTCA	AGTCAGCGC#CA	gcccctg	TGGTG	: 126	;
LpMDHk43 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CCATCAGCTCA	AGTCAGCGCGCA	GCCGCTT'	TGGTC	: 130	ı
LpMDHk44 :	AAGTTGGAGATGG						: 131	
LpMDHk45 :				Total Control of the	****		; 130	
LpMDHk46:	AAGTTGGAGATGG						: 128	
LpMDHk47:	AAGTTGGAGATGG			960	944		: 130	
LpMDHk48 :	3.8	CATCAGCTGTGAC CATCAGCTGTGAC	###	10	3 ()	TGGTG	: 126	
LpMDHk49 : LpMDHk50 :	33	22	121	224	GGCCGCTÜ GGCCGCTÜ	TGGTG	: 125 : 127	
LpMDHk51:		CATCAGCTGTGAC	6118	GTCAGCGCCA GTCAGCGCCCA	574		: 127	
LpMDHk52 :	AAGTTGGAGATGG						; 125	
LpMDHk53		CATCAGCEGTGAC					: 126	
LpMDHk54	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTEAC	CATCAGÜTCA	AGTCAGCGCCCA	GCCGCT	TGGTC	. 120 : 124	
LpMDHk55	AAGTTGGASATGG	CATCAGCTGTGAC	CATCAGÑTCA	AGTCAGCGC@CA	GCCGCT	TGGTG	: 123	
LpMDHk56 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTGAC	CCATCAGUTCA	AGTCAGCGC∰CA	ggccgct@	TGGTG	: 117	
LpMDHk57 :	AAGTTGGA	CATCAGCTGTGAC	CATCAG#TCA	AGTCAGCGC	GGCCGCT	TGGTG	: 117	
LpMDHk58:	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CCATCAGCTCA	AGTCAGCGCGCA	GGCCGCTT	TGGTC	: 110	
LpMDHk59 :	AAGTTGGA <u>@</u> ATGG	CATCAGCTGT-AC	CCATCAG T-	AGT <mark>-</mark> AGCGC@CA	ggccgct <u>f</u>	TGGTG	: 100	)
LpMDHk60 :	AAGTTGGAGATGG	CATCAGCTGTTAC	CCATCAGCTCA	AGTCAGCGCGCA	GGCCGCTT	TGGTC	: 102	!
LpMDHk61 :	ATTGGAGATGG						: 95	
LpMDHk62 :	A-NTTGGACATGG	CATCAGCTGTCAC	CATCAGITCA	AGTCAGCGC,CCA	GGCCGCT C	TGGTG	: 90	
LpMDHk63:	-ANTTGGA-ATGG	CATCAGCTGTCAC	CATCAGUTCA	AGTCAGCGCCCA	GCCCCTC	TGGTG	: 89	
LpMDHk64 :	AAGTTGGACATGG	CATCAGCTGTCA	CATCAGITCA	AGT CAGCGCCCA	GGCCGCTC	TGGTG	: 75	,
LpMDHk65 :							: -	

		*	200	*	220	*	240		
LpMDHk1	:	TCGAAACCAAGGAA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	238
LpMDHk2	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	205
-	:	TCGAAACCAAGGAA						:	206
_	:	TCGAAACCAAGGAA						:	204
-	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	205
	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CGAGCTICE	GTGGCCTAAA	GGCATCATCE	CGTCG	:	204
<del>-</del> .	:	TCGAAACCAAGGA						:	202
	:	TCGAAACCAAGGA						:	203
LpMDHk9	:	TCGAAACCAAGGAA						:	203
LpMDHk10	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	202
LpMDHk11	:	TCGAAACCAAGGA						:	201
LpMDHk12	:	TCGAAACCAAGGAA						:	202
LpMDHk13 LpMDHk14	:	TCGAAACCAAGGA						:	201
LpMDHk15	:	TCGAAACCAAGGAA						:	200
LpMDHk16	•	TCGAAACCAAGGAA						:	199
LpMDHk17		TCGAAACCAAGGA! TCGAAACCAAGGA!						:	199
LpMDHk18	:	TCGAAACCAAGGA						:	198 200
LpMDHk19	:	TCGAAACCAAGGA						:	200
LpMDHk20		TCGAAACCAAGGA						:	200
LpMDHk21		TCGAAACCAAGGA						:	200
LpMDHk22	:	TCGAAACCAAGGAA						:	200
LpMDHk23	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCAECATCAT	CGTCG	:	197
LpMDHk24	:	TCGAAACCAAGGAA						:	197
LpMDHk25	:	TCGAAACCAAGGA						:	197
LpMDHk26	:	TCGAAACCAAGGA	ATC <u>@</u> TGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	199
LpMDHk27	:	TCGAAACCAAGGA						:	198
LpMDHk28	:	TCGAAACCAAGGA						:	199
LpMDHk29	:	TCGAAACCAAGGA						:	194
LpMDHk30	:	TCGAAACCAAGGA						:	198
LpMDHk31	:	TCGAAACCAAGGAA						:	196
LpMDHk32	:	TCGAAACCAAGGA						:	195
LpMDHk33 LpMDHk34	:	TCGAAACCAAGGAA						:	195
LpMDHk35.	:	TCGAAACCAAGGAA TCGAAACCAAGGAA						:	195
LpMDHk36	:	TCGAAACCAAGGA	YTCATGGCAGCA YTCATGGCAGCA	AC ATODAGO	TCCCCTA A A	CCCATCATCAT	CGTCG	:	194 · 194
LpMDHk37		TCAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CAMOCIACA CAMPACATE A	AAATOODDTO	CCCATCATCAT CCCATCATCAT	CGTCG	:	187
LpMDHk38	:	TCAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CGAGCTHCA	GTGGCCTGAA	GGCATCATCAT GGCATCATCAT	CGTCG	:	190
LpMDHk39	:	TCGAAACCAAGGA						:	192
LpMDHk40	:	TCAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA			GGCATCATCAT		:	189.
LpMDHk41	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CAGCT CA		GGCATCATCAT		:	190
LpMDHk42	٤,	TCAAACCAAGGA	#TCATGGCAGCA	CGAGCT CA	gtggcctgaa	GGCATCATCAT	CGTCG	:	186
LpMDHk43	:	TCGAAACCAAGGA						:	190
LpMDHk44	:	TCGAAACCAAGGA						:	191
LpMDHk45	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	gtggcct <u>a</u> aa	GGCATCATCAI	CGTCG	:	190
LpMDHk46	:	TCNAAACCAAGGA	FTCATGGCAGCA	CgAGCTgCA	GTGGCCTGAA	GGCATCATCAI	CGTCG	:	188
LpMDHk47	:	TCGAAACCAAGGAA TCAAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA ATCATGGCAGCA					:	190
LpMDHk48 LpMDHk49	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA TCATGGCAGCA	11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11		GGCATCATCA1		:	186
LpMDHk50	:	TCAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA			GGCATCATCA1 GGCATCATCA1		:	185
LpMDHk51	:	TCHAAACCAAGGA				GGCATCATCAT GGCATCATCAT		:	187 186
LpMDHk52	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CARCTRCA		GGCATCATCAT GGCATCATCAT	CGTCG	:	185
LpMDHk53	:	TCHAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA					:	186
	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA			GGCATCATCAT		:	184
<del>-</del>	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	540 SS	19161	GGCATCATCAT		:	183
LpMDHk56	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CEAGCTECA	GTGGCCTGAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	177
LpMDHk57	:	TCAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CGAGCTICA	GTGGCCTËAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	177
LpMDHk58	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTÄAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	170
LpMDHk59	:	T-NAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA!	CEAGCTICA	GTGGCCT <b>EA</b> A	GGCATCATCAT	CGTCG	:	159
LpMDHk60	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	162
LpMDHk61	:	TCGAAACCAAGGA	ATCATGGCAGCA	CAAGCTACA	GTGGCCTAAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	155
	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CGAGCTTCA	GTGGCCTĞAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	150
LpMDHk63	:	TCAAAACCAAGGA	TCATGGCAGCA	CGAGCTTCA	GTGGCCTGAA	GGCATCATCAI	CGTCG	:	149
LpMDHk64	:	TCAAAACCAAGGA	STCATGGCAGCA	CGAGCTTCA	GTGGCCT,GAA	GGCATCATCAT	CGTCG	:	135
LpMDHk65	:							:	-

```
300
LpMDHk1
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACC#CCTCTCTTCGGGCGAC
                                                                                                                              298
LpMDHk2
                   {	t ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC}
                                                                                                                              265
                   ATCAGCTTŢGAATCAGGGACATCŢTTCCTGGGCAAGACŢGCCTCŢCTŢCGGGCGACTŢŢŢ
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk3
                                                                                                                              266
LpMDHk4
                                                                                                                              264
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTĞTĞ
ATCAGCTTĞGAATCAGGGACATCĞTTCCTGGGCAAGACCĞCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk5
                                                                                                                              265
LpMDHk6
                                                                                                                              264
LpMDHk7
                                                                                                                              262
LpMDHk8
                                                                                                                              263
LpMDHk9
                                                                                                                              263
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTIIGAATCAGGGACATCIITTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAIIGGGCATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAIIGGGCATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk10
                                                                                                                              262
LpMDHk11 :
                                                                                                                              261
LpMDHk12
LpMDHk13
                                                                                                                              261
LpMDHk14
                                                                                                                              260
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk15
                                                                                                                              259
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk16
                                                                                                                              259
LpMDHk17
                                                                                                                              258
LpMDHk18
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
                                                                                                                              260
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk19
                                                                                                                              260
LpMDHk20 :
                                                                                                                              260
LpMDHk21
                                                                                                                              260
LpMDHk22
                                                                                                                              260
LpMDHk23:
                   {	t ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC}
                                                                                                                              257
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk24
                                                                                                                              257
LpMDHk25
                                                                                                                              257
LpMDHk26
                                                                                                                              259
                   {	t ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC}
LpMDHk27
                                                                                                                              258
LpMDHk28 :
                   {	t ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC}
                                                                                                                              259
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk29
                                                                                                                              254
LpMDHk30 :
                                                                                                                              258
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk31 :.
                  256
LpMDHk32
                                                                                                                              255
LpMDHk33 :
                                                                                                                              255
LpMDHk34
                                                                                                                              255
LpMDHk35
                                                                                                                              254
LpMDHk36 :
                                                                                                                              254
LpMDHk37
                                                                                                                              247
LpMDHk38
                                                                                                                              250
LpMDHk39
                                                                                                                              252
LpMDHk40 :
                                                                                                                              249
LpMDHk41 :
                                                                                                                              250
LpMDHk42:
                                                                                                                              246
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
LpMDHk43 :
                                                                                                                              250 .
                  ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTCTTCGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGAACATCATTCCTGGGCAAGACAGCCTCTCTTCGGGCCAGCCTC
LpMDHk44:
LpMDHk45
                                                                                                                           :. 250
                  LpMDHk46:
                                                                                                                           : 248
LpMDHk47:
                                                                                                                              250
LpMDHk48 :
                                                                                                                              246
LpMDHk49:
                                                                                                                           : 245
LpMDHk50 :
                                                                                                                              247
LpMDHk51 :
                                                                                                                              246
LpMDHk52 :
                                                                                                                           : 245
LpMDHk53
                                                                                                                           : 246
LpMDHk54
                                                                                                                           : 244
LpMDHk55
                                                                                                                              243
LpMDHk56
                                                                                                                              237
LpMDHk57
                                                                                                                           : 237
LpMDHk58
                                                                                                                           : 230
LpMDHk59
                                                                                                                              219
LpMDHk60:
                   ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAAGACCGCCTCTTCTGGGCGACTATC
ATCAGCTTCGAATCAGGGACATCATTCCTGGGCAGACTGCCTCTTCTCGGGCGTCÄĞTC
ATCAGCTTCGAATCTGGÄACATCATTCCTGGGCAAGACTGCCTCTCTTCGGGCGTCAGTC
ATCAGCTTCGAATCTGGÄACATCATTCCTGGGCAAGACTGCCTCTCTTCGGGCGTCAGTC
LpMDHk61
                                                                                                                              215
LpMDHk62:
                                                                                                                              210
LpMDHk63:
                                                                                                                              209
LpMDHk64
                                                                                                                              195
LpMDHk65
LpMDHk66
```

		*	320	*	340	*	360		
LpMDHk1	:	ACCTCAAGGATTGT						:	358
LpMDHk2	:	ACCTCAAGGATTGT	GCCAAAGGCAA	AGTCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	<b>ICGTAC</b>	:	325
LpMDHk3	:	ACCCCAAGGATTGT						:	326
LpMDHk4	:	ACCTCAAGGATTGT						:	324
LpMDHk5	:	ACCTCAAGGATTGT	GCCAAAGGCAA	AGTCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	<b>ICGTAC</b>	:	325
<b>LpMDHk6</b>	:	ACC@CAAGGATTG[						:	324
LpMDHk7	:	ACCTCAAGGATTGT						:	322
LpMDHk8	:	ACCTCAAGGATTGT	rgccaaaggcaa.	AGCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	<b>ICGTAC</b>	:	323
LpMDHk9	:	ACCTCAAGGATTGT	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	ICGTAC	:	323
LpMDHk10	:	ACCTCAAGGATTGT						:	322
LpMDHk11	:	ACC CAAGGATTG1						:	321
	:	ACCTCAAGGATTGT						:	322
LpMDHk13	:	ACCTCAAGGATTGT						:	321
LpMDHk14	:	ACCTCAAGGATTGT						:	320
LpMDHk15	:	ACCTCAAGGATTGT						:	319
LpMDHk16	•	ACCTCAAGGATTGT						:	319
LpMDHk17 LpMDHk18	:	ACCTCAAGGATTGT						:	318
LpMDHk19		ACCTCAAGGATTGT ACCTCAAGGATTGT						:	320 320
LpMDHk20	:	ACCTCAAGGATTGT						:	320
LpMDHk21	:	ACCTCAAGGATTGT						:	320
LpMDHk22	:	ACCTCAAGGATTGT						:	320
LpMDHk23	:	ACCTCAAGGATTGT						:	317
LpMDHk24		ACCTCAAGGATTGT						:	317
LpMDHk25	:	ACCTCAAGGATTGT						:	317
	:	ACCTCAAGGATTGT							319
LpMDHk27	:	ACCTCAAGGATTGT						:	318
LpMDHk28	:	ACCTCAAGGATTG:						:	319
LpMDHk29	:	ACCTCAAGGATTGT	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	<b>ICGTAC</b>	:	314
LpMDHk30	:	ACCTCAAGGATTG	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC'	<b>CGTAC</b>	:	318
LpMDHk31	:	ACCTCAAGGATTG:						:	316
LpMDHk32	:	ACCTCAAGGATTG:						:	315
LpMDHk33	:	ACCTCAAGGATTG						:	315
LpMDHk34	:	ACCTCAAGGATTG				200		:	315
LpMDHk35	:	ACC CAAGGATTG			SIGNA.	$CCTCAGGC_{2}^{\infty}$	X2.	:	314
LpMDHk36	:	ACCTCAAGGATTG						:	314
LpMDHk37	:	ACCECEAGGATTG						:	307
LpMDHk38 LpMDHk39	:	ACCECA ACCARE						:	310
LpMDHk40	:	ACCTCAAGGATTG: ACC@C@AGGATTG:	rgccaaaggcaa rgccaaaggcaa		/am	900	ICGIAC ICÜTAC	:	312 309
LpMDHk41	:		rgccaaaggcaa rgccaaaggcaa			<b>48</b>	TCUTAC	•	310
LpMDHk42	:	ACCCCAGGATTG	PGCCAAAGGCAA	AGTCTGGGT( AGTCTGGGT(	TCAGATATC		CUTAC	:	306
LpMDHk43	:	ACCTCAAGGATTG					200	:	310
LpMDHk44	:	ACCTCAAGGATTG						:	311
LpMDHk45	:	ACCTCAAGGATTG:						:	310
LpMDHk46	:	ACC@CEAGGATTG:				CCTCAGGC器		:	308
LpMDHk47	:	ACCTCAAGGATTG:						:	310
LpMDHk48	:	ACC CAGGATTG:	<b>r</b> gccaaaggcaa	AGTCTGGGT	CTCAGATATCĞ	CCTCAGGC饕	TCTTAC	:	306
LpMDHk49	:		rgccaaaggcaa			2.0	TCTTAC	:	305
LpMDHk50	:		rgccaaaggcaa			15.78	TCTĜAC	:	307
LpMDHk51	:		rgccaaaggcaa			CCTCAGGC鬶	TCTTAC	:	306
LpMDHk52	:	ACCOCGAGGATTG:						:	305 ·
LpMDHk53	:	ACC@CGAGGATTG	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGT	TCAGATATCO	8.8	TCTTAC	:	306
LpMDHk54	:	ACCOCCAGGATTG	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGT	TCAGATATCE	CCTCAGGCA	TCUTAC	:	304
LpMDHk55 LpMDHk56	:	ACCCCCAGGATTG' ACCCCCAGGATTG'	rgccaaaggcaa	AGTCTGGGT(	TCAGATATCG	CCTCAGGCA	TCTTAC	:	303
LpMDHk56	:	ACCECEAGGATTG	rgcca a accca a	AGICIGGGI(	TCAGATATC	CCTCAGGCA	TCHTAC	:	297
LpMDHk58	:	ACCTCAAGGATTG:	rgccaaaggcaa rgccaaaggcaa	AGNCTGGGT(	TCAGATATCE	CCTCAGGC	TCGTAC	:	297
LpMDHk59	:	ACCICAAGGAIIG.	PGCCAAAGGCAA	ACTCTCCCTC	TCAGATATCA	CCTCAGGCC	TCGTAC	:	290 279
LpMDHk60	:	ACCTCAAGGATTG	TGCCAAAGGCAA	AGTCTGGGT(	TOACATATO	CCTCAGCCC	TCGTAC	:	282
LpMDHk61	:	ACCTCAAGGATIG	IGCCAAAGGCAA	AGTCTGGGT	TCAGATATCA	DDDDADIO DDDDADIOD	ТССТАС	:	275
LpMDHk62	:	ACCCCGAGGATTG						:	270
LpMDHk63	:	ACCCCGAGGATTG						:	269
LpMDHk64	:	ACCCCGAGGATTG'	TGCCAAAGGCAA	AGTCTGGGT	TCAGATATCG	CCTCAGGCA	TCTTAC	:	255
LpMDHk65	:							:	_
LOMDHREE									

```
420
LpMDHk1
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGÄCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   418
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCffGGTGGCATCGGGCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk2
                                                                                                                   385
LpMDHk3
                                                                                                                : 386
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk4
                                                                                                                : 384
LpMDHk5
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   385
                 AAGGNGGCGGTGCTTGGTGCTGCNGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAN
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk6
                                                                                                                : 384
LpMDHk7
                                                                                                                   382
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk8
                                                                                                                   383
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk9
                                                                                                                   383
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk10
                                                                                                                   382
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGC¶GGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCQGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   381
LpMDHk11
LpMDHk12
                                                                                                                   382
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk13
                                                                                                                   381
LpMDHk14
                                                                                                                   380
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk15
                                                                                                                   379
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk16
                                                                                                                   379
LpMDHk17
                                                                                                                   378
LpMDHk18
                                                                                                                   380
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk19
                                                                                                                   380
LpMDHk20
                                                                                                                   380
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk21
                                                                                                                   380
LpMDHk22
                                                                                                                   380
LpMDHk23
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   377
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTG∰TTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk24
                                                                                                                   377
LpMDHk25
                                                                                                                   377
LpMDHk26
                                                                                                                   379
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAGAAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk27
                                                                                                                   378
LpMDHk28
                                                                                                                   379
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk29
                                                                                                                   374
LpMDHk30 :
                                                                                                                   378
LpMDHk31
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   376
LpMDHk32
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   375
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk33
                                                                                                                   375
LpMDHk34
                                                                                                                   375
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGC<u>I</u>IIGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk35
                                                                                                                   374
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk36
                                                                                                                   374
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk37
                                                                                                                    367
LpMDHk38
                                                                                                                   370
LpMDHk39
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                   372
LpMDHk40
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                    369
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAC
AAGGTGGÄGGTGCTTGGTGCTGCÄGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAC
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGATCAAC
                                                                                                                    370
LpMDHk41 :
LpMDHk42
                                                                                                                    366
LpMDHk43
                                                                                                                    370
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk44
                                                                                                                    371
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk45
                                                                                                                    370
LpMDHk46
                                                                                                                    368
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk47
                                                                                                                   370
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTÄAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk48
                                                                                                                    366
LpMDHk49
LpMDHk50
                                                                                                                    367
LpMDHk51
                                                                                                                    366
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk52
                                                                                                                    365
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk53
                                                                                                                    366
LpMDHk54
                                                                                                                 : 364
LpMDHk55
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                    363
LpMDHk56
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                    357
LpMDHk57
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
                                                                                                                    357
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGC∰GGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk58
                                                                                                                    350
LpMDHk59
                                                                                                                    339
LpMDHk60
                                                                                                                    342
                 AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
AAGGTGGCGGßGCTTGGTGCTG<mark>N</mark>CGGßGGCATßGGGCACCACTGGGCCTGCTGATßAAG
AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
LpMDHk61
                                                                                                                    335
 LpMDHk62 :
                                                                                                                    330
 LpMDHk63:
                                                                                                                    329
                  AAGGTGGCGGTGCTTGGTGCTGCCGGTGGCATCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
TTGGTGCTGCÏJGGTGGCATCGGTCAACCACTGGGCCTGCTGATCAAG
 LpMDHk64
                                                                                                                    315
 LpMDHk65
 LpMDHk66:
```

		*	440	*	460	*	480		
LpMDHk1 :		ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGCC	CCTGTATO	ATATTGACAAT	CTCAAGGGAC	TCGCT	:	478
LpMDHk2 :			GTCTCAGAGCTGC					:	445
LpMDHk3 :	Z	ATGTCTCCTCTA	GTCTCAGAGCTGC	CCTGTATO	ATATTGCCAAT	rgtcaaggg@g	TCGCT	:	446
LpMDHk4 :	1	ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGC	CCTGTATO	ATATTGCCAA1	rgtcaagggäc	TCGCT	:	444
LpMDHk5 :	Ž	ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGC	CCTGTATC	ATATTGCCAAT	CTCAAGGGAG	TCGCT	:	445
LpMDHk6 :		ATGTCTCCTCTG						:	403
LpMDHk7:		ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGC	CCTGTATO	ATATTGCCAAT	CTCAAGGGAG	TCGCT	:	442
LpMDHk8 :			GTCTCAGAGCTGC					:	443
LpMDHk9 :			GTCTCAGAGCTGC					:	443
LpMDHk10 :			GTCTCAGAGCTGC					:	442
LpMDHk11 :			GTCTCAGAGCTGC					:	441
LpMDHk12 :			GTCTCAGAGCTGC					:	442
LpMDHk13 :			GTCTCAGAGCTGC					:	441
LpMDHk14:			GTCTCAGAGCTGC					:	440
LpMDHk15 :			GTCTCAGAGCTGC					:	439
LpMDHk16 :			GTCTCAGAGCTGC					:	439
LpMDHk18:			GTCTCAGAGCTGC( GTCTCAGAGCTGC(					:	438
LpMDHk19:			GTCTCAGAGCTGC(					:	440 440
LpMDHk20 :			GTCTCAGAGCTGC(					:	440
LpMDHk21 :			GTCTCAGAGCTGC					:	440
LpMDHk22 :			GTCTCAGAGCTGC					:	440
LpMDHk23 :			GTCTCAGAGCTGC					:	437
LpMDHk24 :			GTCTCAGAGCTGC					:	437
LpMDHk25:		ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGC	SCCTGTATO	ATATTGCCAA	TGTCAAGGGAG	TCGCT	:.	437
LpMDHk26 :			GTCTCAGAGCTGC					:	439
LpMDHk27:			GTCTCAGAGCTGC					:	438
LpMDHk28:			GTCTCAGAGCTGC					:	439
LpMDHk29 :			GTCTCAGAACTGC					:	434
LpMDHk30 :			GTCTCAGAGCTGC					:	438
LpMDHk31 :			GTCTCAGAGCTGC					:	436
LpMDHk32 :			GTCTCAGAGCTGC( GTCTCAGAGCTGC(					:	435
LpMDHk34 :			GTCTCAGAGCTGC( GTCTCAGAGCTGC(					:	435 435
LpMDHk35 :	1	ATGTCTCCTCTG ATGTCTCCTCTG	GTCTCAÑAGCTGC(	CCTGTATC	ATATIGCCAA.	PGTCA ACCC	TCGCT	:	433
LpMDHk36 :			GTCTCAGAGCTGC(					:	434
LpMDHk37 :			GTCTC GAGCTGC					:	427
LpMDHk38 :			GECTC GAGCTGC					:	430
LpMDHk39 :			GTCTCAGAGCTGC					:	432
LpMDHk40 :		ATGTC@CCTCTG	GTCTC∰GAGCTGC(	CCTGTATO	ATATTGCÖAA'	rgtcaaggg <u>@</u> c	TCGCT	:	429
LpMDHk41 :			GTCTC <u>E</u> GAGCTGC					:	430
LpMDHk42 :			GTCTCAGAGCTGC					:	426
LpMDHk43:			GTCTCAGAGCTGC					:	430
LpMDHk44:			GTCTCAGAGCTGC					:	431
LpMDHk45 :			GTCTCAGAGCTGC					:	430.
LpMDHk46 :			GTCTC GAGCTGC					:	428
LpMDHk47 : LpMDHk48 :		ATGTCTCCTCTG ATGTC@CCTCTG	GTCTCAGAGCTGC( GTCTC&GAGCTGC(		ATATTGCCAA. ATATTGCGAA.			:	430
LpMDHk49		ATGTCGCCTCTG			ATATTGCGAA:		TCGCT	:	426 425
LpMDHk50 :	- 11	ATGTCGCCTCTG			ATATTGCGAA:		TCGCT	:	427
LpMDHk51:		ATGTCCCTCTG			ATATTGCGAA			:	426.
LpMDHk52 :	- 1	186	GTCTCEGAGCTGC		4.5	201		:	425
LpMDHk53 :		ATGTCĞCCTCTG	GTCTCËGAGCTGC	CCTGTATO	ATATTGCEAA'	rgtcaaggg@c	TCGCT		426
LpMDHk54 :	: [	ATGTC CCTCTG	GTCTC@GAGCTGC(	SCCTGTATO	ATATTGCEAA'	rgtcaagggÉg	TCGCT		424
LpMDHk55 :	: .	ATGTCECTCTG	GTCTC@GAGCTGCC	GCCTGTATO	ATATTGCGAA'	rgtcaagggd	TCGCT		423
LpMDHk56:	:	ATGTCÉCCTCTG	GTCTCjjgGAGCTGC(	SCCTGTATO	ATATTGCGAA:	rgtcaaggggg	TCGCT		417
LpMDHk57:		ATGTCGCCTCTG	GTCTCEGAGCTGC	GCC GTATO	ATANTGCNAA.	TGTCAAGGG	TCGCT		417
LpMDHk58 :		ATGNNTCCTCTG	GTCTCANAGCTGC	SCCTGTATO	ATATTGCCAAT	rg <u>N</u> CAAGGGAG	TCGCT		410
LpMDHk59 :		ATGTCTCCTCTG	GTCTCAGAGCTGC	CCTGTATO	ATATTGCCAA:	rgtcaagggg	TCGCT		399
LpMDHk60 :			GTCTCAGAGCTGC						402
LpMDHk61 :		ALC ALC	GTCTCAGAGCTGC	ECCTGTATO	ATATTGCCAA	rg rcaagggac	TCGCT	:	395
LpMDHk62 : LpMDHk63 :		A STATE OF THE STA	GTCTCGGAGCTGC	CCTCTATC	A TA TTCCCA A	romon negocia	W.C.O.O.	•	333
LpMDHk64	ı	ATGTCGCCTCTC	GTCTCGGAGCTGC( GTCTCGGAGCTGC(	CCTCTATC	ATATIGCGAA	FGTCA ACCCC	TCCCT		389
LpMDHk65		ATGTCTCCTCTC	GTCTCGGAGCTGC( GTCTCGGAGCTGC(	CCTGTATO	ATATIGCGAA.	rgrca acceae	TCCCT	:	375 107
LpMDHk66								•	10/

```
500
               GCAGATCTCAGNCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk1
                                                                                                        538
LpMDHk2
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        505
               GCAGATCTĒAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCĒGCĒGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk3
                                                                                                        506
LpMDHk4
                                                                                                        504
LpMDHk5
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        505
            :
LpMDHk6
               GCAGATCTCAGCCACTGGAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTT<u>G</u>ACTGGCC<u>CAGCAGAA</u>
LpMDHk7
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk8
                                                                                                        503
LpMDHk9
                                                                                                        503
LpMDHk10 :
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        502
               GCAGATCT¶AGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCC¶GCਊGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHkl1:
                                                                                                        501
LpMDHk12
                                                                                                        502
LpMDHk13
               {\tt GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCC\underline{CAGCAGAA}}
                                                                                                        501
LpMDHk14
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        500
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk15
                                                                                                        499
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk16
                                                                                                        499
LpMDHk17
                                                                                                         498
LpMDHk18 :
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        500
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGC<mark>I</mark>GAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk19
                                                                                                        500
LoMDHk20 :
                                                                                                        500
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk21 :
                                                                                                        500
LpMDHk22
                                                                                                        500
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk23:
                                                                                                         497
LpMDHk24
               GCAGATCTCAGCC<mark>E</mark>CTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        497
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk25
                                                                                                         497
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGETCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGG#CCAGCAGAA
LpMDHk26
                                                                                                        499
LpMDHk27
                                                                                                        498
LpMDHk28
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        499
LpMDHk29 :
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTC<u>©</u>CTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                         494
LpMDHk30 :
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                         498
LpMDHk31 :
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        496
LpMDHk32 :
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                        495
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk33
                                                                                                         495
LpMDHk34.:
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                         495
                gcagatctffagccactgcaacacgccttctcaggtcatggacttcactggcccffgaa
LpMDHk35 :
                                                                                                         494
               LpMDHk36 :
                                                                                                         494
LpMDHk37:
                                                                                                        487
LpMDHk38 :
                                                                                                         490
LpMDHk39 :
                                                                                                        492
LpMDHk40 :
                                                                                                         489
LpMDHk41:
                                                                                                         490
LpMDHk42 :
                                                                                                         486
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk43 :
                                                                                                         490
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GC<u>A</u>GATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGGCTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk44
                                                                                                         491
LpMDHk45
                                                                                                         490
               GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGGCTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk46
                                                                                                         488
LpMDHk47:
                                                                                                         490
LpMDHk48 :
                                                                                                         486
LpMDHk49
                                                                                                         485
LpMDHk50
                                                                                                         487
LpMDHk51
                                                                                                         486
LpMDHk52
                                                                                                         485
                    GATCTCAGCCACTGCAACACGCCT
GATCTCAGCCACTGCAACACGCCT
                                                       CTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCC
CTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCC
LpMDHk53
                                                                                                GAA
                                                                                                         486
                                                                                            GC
                GC
LpMDHk54
                                                                                                         484
LpMDHk55
                    GATCTCAGCCACTGCAACACGCCT
                                                       CTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCC
                                                                                                         483
                LpMDHk56
                                                                                                         477
LpMDHk57
                                                                                                         477
LpMDHk58
                                                                                                         470
LpMDHk59
                                                                                                         459
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
LpMDHk60
                                                                                                         462
LpMDHk61 :
                GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTTCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCAGCAGAA
                                                                                                         455
LpMDHk62
               GCGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTGCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCCGCGAA
GCGGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTGCTCAGGTCATGGACTTCACTGGCCCCGCGAA
GCAGATCTCAGCCACTGCAACACGCCTGCTCAGGGCATGGACTTCACTGGCCCCGCGAA
GCAGATCTCAGCCGCTGCTCAGGGCATGGACTTCACTGGCCCCGCGAA
LpMDHk63 :
                                                                                                         449
LpMDHk64
                                                                                                         435
LpMDHk65
                                                                                                         167
 LpMDHk66
```

```
600
                     CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCG
LpMDHk1
                                                                                                                                                 : 598
LpMDHk2
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                    565
LpMDHk3
                     CTAGC<mark>C</mark>GACTGCTTGAAAGGTGTGGTGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTC∭CAAGGAAG
                                                                                                                                                    566
LpMDHk4
                                                                                                                                                    564
LpMDHk5
                      \mathtt{CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                    565
LpMDHk6
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGGTGATGTTGNCNGCATCCCTGCGGNNGTCNGCAAGGAA-
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk7
                                                                                                                                                    561
                                                                                                                                                    563
LpMDHk8
                     CTAGCTGGCTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCGGCTGCTTGAAAGGTGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk9
                                                                                                                                                    563
LpMDHk10 :
                                                                                                                                                    562
                                                                                                                                                 : 561
LpMDHk11:
LpMDHk12:
                                                                                                                                                 : 562
                     CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCIICAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk13:
                                                                                                                                                    561
                                                                                                                                                 : 560
LpMDHk14:
                     CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                 : 559
LpMDHk15 :
LpMDHk16
                                                                                                                                                 : 559
LpMDHk17
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                    558
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk18 :
                                                                                                                                                    560
                                                                                                                                                    560
LpMDHk19
LpMDHk20
                      <u>CTAGCTGACTGCTTG</u>AAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                    560
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                    560
LpMDHk21
LpMDHk22:
                                                                                                                                                 : 560
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAÄAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                 : 557
LpMDHk23 :
LpMDHk24
                                                                                                                                                 : 557
                      \mathtt{CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG}
LpMDHk25 :
                                                                                                                                                 : 557
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk26
                                                                                                                                                 : 559
LpMDHk27
                                                                                                                                                 : 558
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk28 :
                                                                                                                                                 : 559
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTMCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk29
                                                                                                                                                 : 554
LpMDHk30 :
                                                                                                                                                 : 558
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk31 :
                                                                                                                                                 : 556
LpMDHk32 :
                                                                                                                                                     555
                       CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk33:
                                                                                                                                                     555
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTÄGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk34 :
                                                                                                                                                     555
LpMDHk35 :
                                                                                                                                                     554
 LpMDHk36:
                                                                                                                                                     554
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGGGTGGATGTTGCCTCATCCCTGCGGGTGTTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGGGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGGTTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGATGCTTGAAAGGGTTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCCGACTGCTTGAAAGGTGTTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
LpMDHk37:
                                                                                                                                                     547
LpMDHk38:
                                                                                                                                                     549
LpMDHk39:
                                                                                                                                                     551
 LpMDHk40 :
                                                                                                                                                     549
                                                                                                                                                     550
 LpMDHk41 :
 LpMDHk42 :
                                                                                                                                                     546
                       CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                     550
 LpMDHk43:
                      \tt CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
 LpMDHk44 :
                                                                                                                                                     551
                      CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGATTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                     550
 LpMDHk45 :
 LpMDHk46:
                      CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGATGTTGTCATCCTTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGCATTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTTGAAAGCATTGTTGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGTTGTCGTCATCCCTGCGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATTGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTCCCCAAGGAAG
CTAGCAGATGCTTGAAAGCATGTTGTCGTCATCCCTGCGGTTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                     548
 LpMDHk47 :
                                                                                                                                                     550
 LpMDHk48
                                                                                                                                                     546
 LpMDHk49
                                                                                                                                                     545
 LpMDHk50
                                                                                                                                                     547
 LpMDHk51
                                                                                                                                                     546
 LpMDHk52
                                                                                                                                                     545
 LpMDHk53
                                                                                                                                                     546
 LpMDHk54
                                                                                                                                                    544
 LpMDHk55
                                                                                                                                                     543
 LpMDHk56
                                                                                                                                                     537
 LpMDHk57 :
                                                                                                                                                     537
 LpMDHk58:
                       CTA --
                                                                                                                                                     473
                       CTAGC GACTGCTTGAAANGTGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCCAAGGAAG
 LpMDHk59
                                                                                                                                                     519
 LpMDHk60
                                                                                                                                                     522
 LpMDHk61
                       CTAGCTGACTGCTTGAAAGGTGTTGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
                                                                                                                                                     515
 LpMDHk62:
                       CTAGCAGAGTGCTTGAAAGGCGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
CTAGCAGAGTGCTTGAAAGGCGTGGATGTTGIJCGTCATCCCTGCGGTGTCCCCAAGGAAG
CTAGCAGTGCTTGAAAGGTGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCCAAGGAAG
CTAGCAGAGTGCTTGAAAGGTGTGGATGTTGTCGTCATCCCTGCGGGTGTCCCAAGGAAG
 LpMDHk63:
                                                                                                                                                     509
 LpMDHk64
                                                                                                                                                     495
 LpMDHk65
                                                                                                                                                     227
 LpMDHk66:
```

### 85/241

620

660

```
CCAGNCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGNNAAGTCGCTTATT
                                                                                            658
LpMDHk1
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             625
LpMDHk2
             CCEGGCATGACECGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                             626
LpMDHk3
              CCÄGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                            624
LpMDHk4
                                                                                             625
LpMDHk5
             CCAGGCA<mark>C</mark>GACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
LpMDHk6
LpMDHk7
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             623
LpMDHk8
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             623
LpMDHk9
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             622
LpMDHk10
             CC∰GGCATGAC∰CGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATĈ
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             621
LpMDHk11 :
LpMDHk12 :
                                                                                             622
              {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                             621
LpMDHk13 :
             {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                             620
LpMDHk14 :
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             619
LpMDHk15 :
LpMDHk16 :
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             619
             CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCG∭CAAGTCGCTTATT
                                                                                             618
LpMDHk17:
                                                                                             620
LpMDHk18
                                                                                             620
LpMDHk19
                                                                                             620
LpMDHk20.:
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             620
LpMDHk21 :
              {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                             620
LpMDHk22 :
              CCAGGCATGACCCMTGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             617
LpMDHk23 :
LpMDHk24 :
                                                                                             617
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             617
LpMDHk25 :
              {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                             619
LpMDHk26
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             618
LpMDHk27 :
LpMDHk28 :
                                                                                             619
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             614
LpMDHk29 :
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             618
LpMDHk30 :
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             616
LpMDHk31 :
                                                                                             615
LpMDHk32:
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
              {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                             615
LpMDHk33:
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
CC∰GGCATGAC∰CGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
LpMDHk34
                                                                                             614
LpMDHk35:
LpMDHk36:
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             614
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGG_CATCGTC_AGIMGCTTATC
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTITAACATCAATGCGGGCATCGMCAAGMCGCTTATC
                                                                                             605
LpMDHk37
                                                                                             609
 LpMDHk38:
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             611
LpMDHk39
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                             609
LpMDHk40
              CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                             610
 LpMDHk41
              CCNGCCATGACICGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
CCAGECAMINGCCTGAEGGCNTETTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCCAATTCTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCCAATTCTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             606
 LpMDHk42
                                                                                             610
 LpMDHk43 :
                                                                                             611
 LpMDHk44 :
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             610
 LpMDHk45:
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              608
 LpMDHk46
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                             610
 LpMDHk47
                                                                                             606
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
 LpMDHk48 :
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              605
 LpMDHk49
                                                                                              607
 LpMDHk50
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              606
 LpMDHk51 :
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              605
 LpMDHk52
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              606
 LpMDHk53
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              604
 LpMDHk54
                                                                                              603
 LpMDHk55
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              597
 LpMDHk56
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCÑATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              597
 LpMDHk57
 LpMDHk58
               CCTGGCATGACTCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGCCAAGTCGCTTATC
CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
                                                                                              579
 LpMDHk59
                                                                                              582
 LpMDHk60
               {\tt CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT}
                                                                                              575
 LpMDHk61
 LpMDHk62
                CAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
                                                                                              569
 LpMDHk63
               CCAGGCATGACCCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATC
CCTGGCATGACTGCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
CCTGGCATGACTCGTGATGACCTTTTTAACATCAATGCGGGCATCGTCAAGTCGCTTATT
 LpMDHk64
                                                                                              555
                                                                                              287
 LpMDHk65
 LpMDHk66
```

		*	680	*	700	*	720		
LpMDHk1 :	1	GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTCA	ATCCATATCA	TCANCNACCC		:	711
LpMDHk2 :		GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCC					:	647
LpMDHk3 :		GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCGC	TCAAC	:	686
LpMDHk4 :		GAGGCTGÑTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCGC	STCAAC	:	684
LpMDHk5 :	Ш	GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCGC	STCAAC	:	685
LpMDHk6 :								:	-
LpMDHk7 :								:	-
LpMDHk8 :	1	GAGGCTGTTGCAG	ACAACTCCCCT	GAGGCCTTC	ATC			:	659
LpMDHk9 :		GAGGCTGTTGCAG				TCAGCAACCCGC	GTCAAC	:	683.
LpMDHk10 :		GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	682
LpMDHk11 :		GAGGCTGTTGCAG						:	681
LpMDHk12 :		GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATNCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	682
LpMDHk13 :		GAGGCTGTTGCAG	ACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	atëcatatca	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	681
LpMDHk14 :		GAGGCTGTTGCAG						:	680
LpMDHk15 :		GAGGCTGTTGCAG	FACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	679
LpMDHk16 :		GAGGCTGMTGCAG	BACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	679
LpMDHk17 :	:	GAGGCTGTTGCAG						:	634
LpMDHk18 :		GAGGCTGTTGCAG	BACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	680
LpMDHk19 :	:	GAGGCTG\(\)TGCAC	BACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GÑCAAC	:	680
LpMDHk20 :	:	GAGGCTGTTGCAG						:	680
LpMDHk21 :	:	GAGGCTGTTGCAC	SACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	680
LpMDHk22 :	:	GAGGCTGTTGCAC	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC.	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	680 ·
LpMDHk23	:	GAGGCTGTTGC						:	628·
LpMDHk24 :	:	GAGGCTGTTGCAC	BACAACTGCCC-					:	640
LpMDHk25	:	GAGGCTGTTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC.	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	677 ·
LpMDHk26	:	GAGGCTG\(\)TGCA(	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATÑCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	679 ·
LpMDHk27	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	678 .
LpMDHk28	:	GAGGCTGTTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	679
LpMDHk29	:	GAGGCTGTTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	TCAGCAACCCG	GTCAAC	:	674 .
LpMDHk30	:	GAGGCTGTTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	678
LpMDHk31	:	GAGGCTGMTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATCA	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	676
LpMDHk32	:	GAGGCTGTTGCAG						:	637
LpMDHk33	:	GAGGCTGÄTGCA(						:	675
LpMDHk34	:	GAGGCTGTTGCAG	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATC	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	675 ·
LpMDHk35	:	GAGGCTGTTGCAG						:	674
LpMDHk36	:	GAGGCTGTTGCAG						:	674
LpMDHk37	:	GAGGCTGTTGCA	GAC-ACT-ECCT	GAGGCCTT-	ATCCATATŢ	ATCA - NMACCCG	GGAC	:	659
LpMDHk38	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCCI	GAGGÄCTTG	ATCCATATT!	ATGAGAACCCCG	GNCAAC	:	669
LpMDHk39	:	GAGGCTGTTGCA						:	644
LpMDHk40	:	GAGGCTGTTGCA						:	669
LpMDHk41	:	GAGGCTGTTGCA						:	670
LpMDHk42	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCCI	GAGGCCTTC	ATCCATATC	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	Ξ.	
LpMDHk43	:	TGE TGC						:	637
LpMDHk44	:	GAGGCTGTTGCA						:	671
LpMDHk45	:	GAGGCTGTTGCA				ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	670
LpMDHk46	:	GAGGCTGTTGCA						:	647
LpMDHk47	:	GAGGCTGTTGCA				AVICACIONACE		:	661
LpMDHk48	:	GAGGCTGTTGCA						:	640.
LpMDHk49	:	GAGGCTGTTGCA						:	665
LpMDHk50	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCCT	GAGGCCTTC	ATCCATATI	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	667
LpMDHk51	:	GAGGCTG TGCA						:	665
LpMDHk52	:	GAGGCTGTTGCA						:	665
	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCCT	rGAGGCCTTC	ATCCATATI	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	
LpMDHk54	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCC	rGAGGCCTTC	ATCCATATE	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	664
LpMDHk55	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCC!	rgaggcctrc	ATCCATATIL	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	•	663
LpMDHk56	:	GAGGCTGTTGCA GAGGCTGÑTGCA	GACAACTGCCC	rGAGGCCTTC	ATCCATATE	ATCAGCAACCCG	GTCAAC	:	
LpMDHk57	:	GAGGCTGNTGCA	GACAACTGCCC:	rGAGGCC11C	AICCAIALL	AICAGCAACCCG	GICNAC		657
LpMDHk58	:	a'a cooremee	CACAAGEGGE	DC N CC CCC	ATCCARAGO	ATTCACCA A CCCC	CTCAAC	:	629
LpMDHk59	:	A'AGGCTGTTGCA						:	639
LpMDHk60	:	GAGGCTGTTGCA							642
LpMDHk61	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCC	rgaggcc111C	ATCCATATC	ALCAGCAACCCC	GTCAAC	•	635
LpMDHk62	:	0.000000000			A DOCUMENT	N MON CON N GOOG	ODC 2 2 C		600
LpMDHk63	:	GAGGCTGTTGCA							629
LpMDHk64	:	GAGGCTGTTGCA						•	615
LpMDHk65	:	GAGGCTGTTGCA						:	
LpMDHk66	:	GAGGCTGTTGCA	GACAACTGCCC	AGAGGCCTT(	ATCCATATC	AICAGCAACCCC	GICAAC	:	234

•		* 74	0	*	760	*	780	
LpMDHk1	:						:	-
LpMDHk2	:						:	-
LpMDHk3	:	TCCACGGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTCT	GAAACAG	AAGGGCGTC	TACAACCCCA	AGAAG :	746
LpMDHk4	:	TNCACTGT					:	692
LpMDHk5	:	TNCACTGTGA					:	695
LpMDHk6	:						:	-
LpMDHk7	:						· :	-
LpMDHk8	:						:	-
LpMDHk9	:	TMCACTGTGCCGATTGCTG				<del>-</del>	· :	706
LpMDHk10	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG					::	706
LpMDHk11	:	TCCACGGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTCI	rgaaacac	AAGGGCGTN	TACAACCCCA	AGAAG:	741
LpMDHk12	:	TNCACTGTG					:	691
LpMDHk13	:	TNCACTGTGCCGATTGCTG	CITEAG					705
LpMDHk14 LpMDHk15	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG	CTCACAT					705
-	:	TMCACTGTGCCGATTGCTG						705
LpMDHk16 LpMDHk17	:	TREACTOTICETO	CIGACAIA					700
LpMDHk17		TCCACTGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTCT	GAAACAG	AAGGGCGTC	TACAACCCCA	AGAAG :	740
LpMDHk19	:	TCCACTGNGCCGATTGCTG	CTGAÑATTCT	rgaaacañ	AAGGGCGÑÑ'	TACAACCCC	AÑAAG :	740
LpMDHk20	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTCT	rgaaaca	AAGGGCGTC'	TACAACCCC	AGAAG :	740
LpMDHk21	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG						740
LpMDHk22	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG						740
LpMDHk23	:						:	-
LpMDHk24	:						:	-
LpMDHk25	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG					:	698
LpMDHk26	:	TMCACTGTGCCGATTGCTG						713
LpMDHk27	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG						738
LpMDHk28	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTC	IGAAACAC	SAAGGGCGTC	TACAACCCC	AAGAAC:	739
LpMDHk29	:	TICACTGTGC					:	684 695
LpMDHk30	:	TNCACTGTGCCGATTGT TNCACTGTGCCGATTGCTG						695 ·
LpMDHk31 LpMDHk32	:	INCACIGIGCCGAIIGCIG						093.
LpMDHk33	:							_
LpMDHk34	:	TCCACTGTGCCGATTGCTG	CTGAGATTC	TGAAACAC	BAAGGGCGTN	T-CCACCCC	AAGAAG :	734
LpMDHk35	:	TCCACGGTGCCGATTGCTG						734
LpMDHk36	:	TNCACTGTGCCGATTGCTG					:	706
LpMDHk37	:	T <mark>G</mark> CACĞGTGCCGATTGCTC					:	682
LpMDHk38	:	TCCACGGGCCGATTGNTC	CAGAGATTC'	TGAAACAG	GAA - GGCGT -		:	712
LpMDHk39	:						:	-
LpMDHk40	:	TNCACGGTGCCGAT					:	683
LpMDHk41	:	TCCACGGTGCCGATTGCTC						695
LpMDHk42	:	TCCACGGTGCCGATTGCTC	CTGAGATTC	TGAAACA	GAAGGGCGTC	TACAACCCC	AAGAAG :	726
LpMDHk43	:	THEN CHEMCAGO THE						686
LpMDHk44	:	TNCACTGTGCCGATT					:	693
LpMDHk45 LpMDHk46	:	INCACIGIGCCGAIIGCIG	CIGG				:	. 093
LpMDHk47	•						:	· : <del>-</del>
LpMDHk48	:						:	-
LpMDHk49	:	TCCACGGTGCCGATTG						681
LpMDHk50	:	TCCACGGTGCCGATTGCTC	CAGAGATTC	TGAAAC <u>A</u> (	GAAGGGCGTC	TACAACCCC	AAGAAG :	727
LpMDHk51	:						:	-
LpMDHk52	:	TNCACGGTGCCGATN					:	680
LpMDHk53	:	TCCACGGTGCCGATTGCT	CAGAGATTC	TGAAACA	GAAGGGCGTC	TACAACCCC	AAGAAG	726
LpMDHk54	:	TCCACGGTGCCGATTGCTC TCCACGGTGCCGATTGCTC TMCACGGTGCCGATTGCTC	GC <u>A</u> GAGATTC	TGAAACA	GA.G		:	702
LpMDHk55	:	TCCACGGTGCCGATTGCTC	CAGAGATTC	TGAAACA	GAAGGGCGTC	TACAACCCC	AAGAAG :	723
LpMDHk56	:	TRICACGGTGCCGATTGCTC	CAGAGATTC	TGAAACA	-AAAGGCGTC	# NT(NTATE		: 707
LpMDHk57	:	TCCACGGNGCCGATTGNTC	SCA: ANAVIVI	1100				: 687
LpMDHk58	:	TONIC						: - : 642
LpMDHk59	:	TMCTCCACTGTGCCGATTGCT	CTCACATTC	TCAAACA	CAAGCCCCTC	TACAACCC	AAGAAG	702
LpMDHk60 LpMDHk61		TÄCACTGTGCCGATTGCT	CTGAGATIC	TCAAACA	GAACCCCCTC	TACARCCCC	AAGAAG	695
LpMDHk62	•							. 0,5
LpMDHk63	:	П					:	630
LpMDHk64	:	THEACGGTGCCGATTGCT	GCAGAGATTC	TGAAACA	GAAGGGCGTC	TACAACCCC	AA	: 671
LpMDHk65	:	TCCACTGTGCCGATTGCT						: 407
LpMDHk66	:	TCCACTGTGCCGATTGCT						: 294

		* 800 * 820 <b>*</b> 840	
LpMDHk1	:		: -
LpMDHk2	:		-
LpMDHk3	:	CTCTTCGGGGTTTMCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCAMA	801
LpMDHk4	:		: -
LpMDHk5	:		: -
LpMDHk6	:		: -
LpMDHk7	:		: -
LpMDHk8	:		: -
LpMDHk9	:		: -
LpMDHk10	:		-
LpMDHk11	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCAAAAAAAA	801
LpMDHk12	:		-
LpMDHk13	:		: -
LpMDHk14	:		
LpMDHk15	:		<b></b> .
LpMDHk16	:		: -
LpMDHk17	:		: -
LpMDHk18	:	CTCTTCGGGGTTTCCACC	: 758
LpMDHk19	:	CTCTTNGGGGNTTNCACCCTG	: 761
LpMDHk20	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAA	: 772 ·
LpMDHk21	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAN	: 772
LpMDHk22	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCANAAGAAG	800
LpMDHk23	:		: -
LpMDHk24	:		-
LpMDHk25	:		
LpMDHk26	:		: -
LpMDHk27	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGA	771
LpMDHk28	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAG	: 773
LpMDHk29	:		: -
LpMDHk30	:		: -
LpMDHk31	:		: -
LpMDHk32	:		
LpMDHk33	:		: -
LpMDHk34	:	CTTTTCNGGGNTTACACCCTGGATGTTGCC	764
LpMDHk35	:	CTCTTCGGGGMTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCT	: 785
LpMDHk36	:		
LpMDHk37	:		: -
LpMDHk38	:		: -
LpMDHk39	:		: -
LpMDHk40	:		: -
LpMDHk41	:		: -
LpMDHk42	:	CTCTTCGGGGTTTNCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGNAGCTCANAANAAG	786
LpMDHk43	:		: -
LpMDHk44	:		: -
LpMDHk45	:		
LpMDHk46	:		: -
LpMDHk47	:		: -
LpMDHk48	:		: -
LpMDHk49	:		: -
LpMDHk50	:	CTCTTCGGGGTTTC	: 741
LpMDHk51	:		: -
LpMDHk52	:		: -
	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGGGCTAACACATT	: 770
-	:		: -
	:	CTCTTCGGGGTTTCCCCCCTGGATGTTGTCAGGGCTAACACATTTGTAGCTCA	: 777
LpMDHk56	:		: -
LpMDHk57	:		: -
LpMDHk58	:		-
LpMDHk59	:		: -
	:		: 762
	:	CTCTTA	701
	:		
LpMDHk63	:	***************************************	: -
LpMDHk64	:		-
	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCAGAAGAAG	: 467
LpMDHk66	:	CTCTTCGGGGTTTCCACCCTGGATGTTGTCAGAGCTAACACATTTGTAGCTCAGAAGAAG	: 354

		*	860	*	880	*	900	
LpMDHk1	:						;	: -
LpMDHk2	:							-
LpMDHk3	:						;	-
LpMDHk4	:							: -
LpMDHk5	:							: -
LpMDHk6	:							: -
LpMDHk7	:							: -
LpMDHk8	:						;	-
LpMDHk9	:							: -
	:	<b>5</b>						: -
LpMDHk11	:	₾						: 802
LpMDHk12 LpMDHk13	:							<u> </u>
LpMDHk13	:							<u>-</u>
LpMDHk15	:							
LpMDHk16	:							
LpMDHk17	:							
LpMDHk18	:							· : -
LpMDHk19	:							· -
LpMDHk20	:							· -
LpMDHk21	:							: -
LpMDHk22	:	AACCTCA						: 807
LpMDHk23	:							: -
LpMDHk24	:							: -
LpMDHk25	:							: -
LpMDHk26	:							: -
LpMDHk27	:							: -
LpMDHk28	:							: -
LpMDHk29	:							: -
LpMDHk30	:							: -
LpMDHk31 LpMDHk32	:							: -
LpMDHk33	:							: <del>-</del>
LpMDHk34	:							
LpMDHk35	:			<b></b>				
LpMDHk36.	:							: -
LpMDHk37	:							· : -
LpMDHk38	:							: -
LpMDHk39	:							: -
LpMDHk40	:							: -
LpMDHk41	:							: -
LpMDHk42	:	AACCTCAGTCTTATCG						: 802
LpMDHk43	:							: -
LpMDHk44	:							: -
LpMDHk45	:							: -
LpMDHk46 LpMDHk47	:							<del>.</del> -
LpMDHk48	:							: <u>-</u>
LpMDHk49	:							
LpMDHk50	:							• -
LpMDHk51	:							· : -
LpMDHk52	:							· : -
LpMDHk53	:							· : -
LpMDHk54	:							: -
LpMDHk55	:							: -
LpMDHk56	:							: -
LpMDHk57	:			_				: -
LpMDHk58	:							: -
LpMDHk59	:							:
LpMDHk60	:	AACCT						: 767
LpMDHk61	:							: -
LpMDHk62	:							: -
LpMDHk63	:							: -
LpMDHk64 LpMDHk65	:	AACCTCAGCCTCATCG	ATCTTCATCTC	CACTIFCTC	CCTCCCCATCC	TCCCATCA	CATT	: - : 527
LpMDHk66	:	AACCTCAGCCTCATCG						: 52/
Thimproo	•	PARCETCHOCCTCH1CG	TOTTOMICIO	-0.10.1010	COLOGCCALGC		JOH L	. 412

		*	920	*	940	*	960	
LpMDHk1	:							: -
LpMDHk2	:							: -
LpMDHk3	:							: -
LpMDHk4	:							: -
LpMDHk5	:							: -
LpMDHk6	:							: -
LpMDHk7	:							: -
LpMDHk8	:						<b>-</b>	: -
LpMDHk9	:							: -
LpMDHk10	:							: -
LpMDHk11	:							: -
LpMDHk12	:							: -
LpMDHk13	:							: -
LpMDHk14	:							: -
LpMDHk15	:							: -
LpMDHk16	:			- <b></b>				: -
LpMDHk17	:							: -
LpMDHk18	:				<b>-</b>			: -
LpMDHk19	:					·		: -
LpMDHk20	:							: -
LpMDHk21	:							: -
LpMDHk22	:							: -
LpMDHk23	:					·		: -
LpMDHk24	:							: -
LpMDHk25	:							: -
LpMDHk26	:							: -
LpMDHk27	:							: -
LpMDHk28	:							: -
LpMDHk29	:							: -
LpMDHk30	:							: -
LpMDHk31	:							: -
LpMDHk32	:							: -
LpMDHk33	:							: -
LpMDHk34	:				<b></b>	- <b>-</b>		: -
LpMDHk35	:				- <b></b>			: -
LpMDHk36	:							: -
LpMDHk37	:							: -
LpMDHk38	:		·					: -
LpMDHk39	:						· <del>-</del>	: -
LpMDHk40	:						·	: -
LpMDHk41	:							: -
LpMDHk42	:					· <del>-</del>		: -
LpMDHk43	:							: -
LpMDHk44	:							: -
LpMDHk45	:							: -
LpMDHk46	:							: -
LpMDHk47	:							: -
LpMDHk48	:							: -
LpMDHk49	:							: -
LpMDHk50	:							: -
LpMDHk51	:				<b></b>			: -
LpMDHk52	:							: -
LpMDHk53	:							: -
LpMDHk54	:							: -
LpMDHk55	:						·,	: -
LpMDHk56	:							: -
LpMDHk57	:							: -
LpMDHk58	:							: -
LpMDHk59	:							: -
LpMDHk60	:							: -
LpMDHk61	:							: -
LpMDHk62	:							: -
LpMDHk63	:							: -
LpMDHk64	:	contrade market						:
LpMDHk65	:	CTGCCTCTGTTGTCC						
LpMDHk66	:	CTGCCTCTGTTGTCC	AAGACTAGGCC	TICIGIC	AGCTTCACGG/	ACGAGGAAAC'I'(	AACAG	: 474

		* 980 · 1000 · 1020		
LpMDHk1	:	.,	:	-
LpMDHk2	:		:	-
LpMDHk3	:		:	_
LpMDHk4	:		:	-
LpMDHk5	:		:	
LpMDHk6	:		:	-
LpMDHk7	:		:	_
LpMDHk8	:		:	_
LpMDHk9	•		:	_
LpMDHk10	:		:	_
LpMDHk11			:	_
LpMDHk12	:		:	_
LpMDHk13	:		:	_
LpMDHk14	:		•	_
LpMDHk15	:		:	_
LpMDHk16	•		:	
LpMDHk17	:		•	_
LpMDHk18	:		:	_
LpMDHk19	:		:	_
LpMDHk20	•		:	_
LpMDHk21	:		:	_
LpMDHk22	:		:	_
LpMDHk23	:		:	_
LpMDHk24	•		:	
LpMDHk25	•		:	_
LpMDHk26	:			
	•		•	_
LpMDHk27	:		:	_
LpMDHk28	:		:	-
LpMDHk29	:		:	-
LpMDHk30	:		:	-
LpMDHk31	:		:	_
LpMDHk32	:		:	-
LpMDHk33	:		:	_
LpMDHk34	:		:	_
LpMDHk35	:		:	_
LpMDHk36	:		:	-
LpMDHk37	:		:	_
LpMDHk38	:		:	_
LpMDHk39	:		:	-
LpMDHk40	:		:	-
LpMDHk41	:		:	-
LpMDHk42	:		:	-
LpMDHk43	:		:	-
LpMDHk44	:		:	-
LpMDHk45	:		:	-
LpMDHk46	:		:	_
LpMDHk47	:		:	-
LpMDHk48	:		:	-
LpMDHk49	:		:	_
LpMDHk50	:		:	-
LpMDHk51	:		:	-
LpMDHk52	:		:	-
LpMDHk53	:		:	-
LpMDHk54	:		:	-
LpMDHk55	:		:	-
LpMDHk56	:		:	_
LpMDHk57	:		=	-
LpMDHk58	:		:	-
LpMDHk59	:		:	-
LpMDHk60	:		:	-
LpMDHk61	:	***************************************	:	-
LpMDHk62	:		:	-
LpMDHk63	:		:	-
LpMDHk64	:		:	_
LpMDHk65		CTGACAAAGAGGATACAGAACGCTGGGACAGAGGTGGTGGAGGCGAA		634
LOMDHILES		CTGA CA A AGAGGA TA CAGA COCTOGGA CAGA CCCCCTCCAGCCGA AGGCTGCTGCTCCTCGC		534

		*	1040	*	1060	*	1080		
LpMDHk1	:							:	-
LpMDHk2	:							:	-
LpMDHk3	:							:	-
LpMDHk4	:							:	-
LpMDHk5	:							:	-
LpMDHk6	:							:	-
LpMDHk7 LpMDHk8	:							:	_
LpMDHk9	:							:	_
LpMDHk10	:							:	_
LpMDHk11	:							:	_
LpMDHk12	:							:	-
LpMDHk13	:							:	-
LpMDHk14	:							:	-
LpMDHk15	:							:	-
LpMDHk16	:							:	_
LpMDHk17	:							:	-
LpMDHk18	:							:	-
LpMDHk19	:							:	-
LpMDHk20 LpMDHk21	:							:	-
LpMDHk22	:							•	_
LpMDHk23	:							:	_
LpMDHk24	:							:	_
LpMDHk25	:							:	-
LpMDHk26	:							:	-
LpMDHk27	:							:	-
LpMDHk28	:							:	-
LpMDHk29	:							:	-
LpMDHk30	:							:	-
LpMDHk31	=							:	-
LpMDHk32	=		<b>-</b>					:	-
LpMDHk33	:							:	-
LpMDHk34 LpMDHk35	:							:	_
LpMDHk36	:							:	_
LpMDHk37	:							:	_
LpMDHk38	:							:	_
LpMDHk39	:							:	_
LpMDHk40	:							:	-
LpMDHk41	:							:	-
LpMDHk42	:							:	-
LpMDHk43	:							:	-
LpMDHk44	:							:	-
LpMDHk45	:							:	-
LpMDHk46	:							:	_
LpMDHk47 LpMDHk48	:								_
LpMDHk49	:							:	<u>-</u> .
LpMDHk50	:				<b>--</b>			:	-
LpMDHk51	:							:	-
LpMDHk52	:							:	-
LpMDHk53	:							:	-
LpMDHk54	:							:	-
LpMDHk55	:							:	-
LpMDHk56	:							:	-
LpMDHk57	:							:	-
LpMDHk58	:							:	-
LpMDHk59	:							:	-
LpMDHk60	:							:	-
LpMDHk61 LpMDHk62	:							:	_
LpMDHk63	:							:	_
LpMDHk64	:							•	_
LpMDHk65	:							:	-
LpMDHk66	:	TCTGCTACTCTGTC	CATGGCTTAT	GCCGCTGCC	AGATTTGTTC	AGTCATCGCTC	CGCGCA	:	594
-									

	*	1100	*	1120	*	1140	
LpMDHk1 :	 . <b></b>						: -
LpMDHk2 :	 						: -
LpMDHk3 :	 						: -
LpMDHk4 :	 						: -
LpMDHk5 :	 						: -
LpMDHk6 :	 						: -
LpMDHk7 : LpMDHk8 :	 						: -
LpMDHk9 :	 						: -
LpMDHk10 :	 						: -
LpMDHk11 :	 						: -
LpMDHk12 :	 						: -
LpMDHk13 :	 						
LpMDHk14 :	 						
LpMDHk15 :	 						: -
LpMDHk16 :	 						: -
LpMDHk17 :	 						: -
LpMDHk18 :	 						: -
LpMDHk19 :	 						: -
LpMDHk20 :	 						: -
LpMDHk21 :	 						: -
LpMDHk22 :	 						: -
LpMDHk23 :	 						: -
LpMDHk24 : LpMDHk25 :	 						: -
LpMDHk26 :	 						: -
LpMDHk27 :	 						: -
LpMDHk28 :	 						: -
LpMDHk29 :	 						: -
LpMDHk30 :	 						: -
LpMDHk31 :	 						
LpMDHk32 :	 						: -
LpMDHk33 :	 						: -
LpMDHk34 :	 						
LpMDHk35 :	 						: -
LpMDHk36 ·:	 						: -
LpMDHk37 :	 						: -
LpMDHk38:	 						: -
LpMDHk39 :	 						: -
LpMDHk40:	 						: -
LpMDHk41:	 						: -
LpMDHk42 :	 						: -
LpMDHk43 :	 						: -
LpMDHk44 : LpMDHk45 :	 						: -
LpMDHk46:	 						: -
LpMDHk47:	 						: -
LpMDHk48:	 						
LpMDHk49 :	 			~~~~~			: -
LpMDHk50 :	 						
LpMDHk51 :	 						· : -
LpMDHk52 :	 						: -
LpMDHk53 :	 						: -
LpMDHk54 :	 						; -
LpMDHk55 :	 						: -
LpMDHk56:	 						: -
LpMDHk57 :	 						: -
LpMDHk58:							: -
LpMDHk59:							: -
LpMDHk60 : LpMDHk61 :							: -
LpMDHk62:							: -
LpMDHk63:	 						: -
LpMDHk64:	 						-
LpMDHk65 :							: -
LpMDHk66 :	GTGATCCA	GATGTTTACGAGT				SAGCTT	: 654
-							. 054

		* 1160	* 1180	*	1200		
LpMDHk1	:				· :		-
LpMDHk2	:				:		-
LpMDHk3	:				:		-
LpMDHk4	:				:		-
LpMDHk5	:				:		-
LpMDHk6	:				:		-
LpMDHk7	:				:		-
LpMDHk8	:				:		-
LpMDHk9	:				:		-
LpMDHk10	:				:		-
LpMDHk11	:						-
LpMDHk12	:				:		-
LpMDHk13	:						_
LpMDHk14	:				:		_
LpMDHk15	:				:		_
LpMDHk16 LpMDHk17	:				:		_
LpMDHk18	:				:		_
LpMDHk19	:				:	:	_
LpMDHk20	:				:		_
LpMDHk21	:				:	:	_
LpMDHk22	:				:	:	
LpMDHk23	:				:	:	_
LpMDHk24	:				:	:	<b>-</b> .
LpMDHk25	:				:	;	-
LpMDHk26	:				:	;	-
LpMDHk27	:				:	:	-
LpMDHk28	:				:	:	-
LpMDHk29	:				:	:	-
LpMDHk30	:				:	:	-
LpMDHk31	:				:	:	-
LpMDHk32	:				:	:	-
LpMDHk33	:				:	:	
LpMDHk34	:				:	:	-
LpMDHk35	:				:	:	-
LpMDHk36	:				:	:	-
LpMDHk37	:					•	_
LpMDHk38	:						_
LpMDHk39	:					•	_
LpMDHk40 LpMDHk41	:		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,		:	•	-
LpMDHk42	:					:	_
LpMDHk43	:					:	_
LpMDHk44	:					:	-
LpMDHk45	:				;	:	_
LpMDHk46	:				;	:	-
LpMDHk47	:				;	:	-
LpMDHk48	:				;	:	-
LpMDHk49	:				;	:	-
LpMDHk50	:				;	:	-
LpMDHk51	:					:	-
LpMDHk52	:					:	-
LpMDHk53	:					:	-
LpMDHk54	:					:	-
LpMDHk55	:					:	-
LpMDHk56	:					:	-
LpMDHk57	:						_
LpMDHk58	:					•	_
LpMDHk59	:					:	_
LpMDHk60	:					•	_
LpMDHk61 LpMDHk62	:					:	_
LpMDHk62	_					:	_
LpMDHk64						:	_
LpMDHk65						:	_
LpMDHk66		CCATTCTTCGCGTCCAGAGTTAAC	CTTGGGAAGGACGGNGTTG	AGTCCATCATTI	CCTCC	: 7:	14
-E		10.50					

	" 1220 " 1240 * 1260		
LpMDHk1	:	:	_
LpMDHk2	:	:	_
LpMDHk3	:	:	_
LpMDHk4		•	_
-		:	_
LpMDHk5		:	-
 LpMDHk6		:	-
TpMDHk7 -		:	-
LpMDHk8	:	•	_
LpMDHk9	:	:	_
LpMDHk10		•	_
-		:	-
LpMDHk11		:	-
LpMDHk12		:	-
LpMDHk13	:	:	-
LpMDHk14	:	•	_
LpMDHk15	:		_
LpMDHk16		•	_
		:	-
LpMDHk17	·	:	-
LpMDHk18		:	-
LpMDHk19		:	-
LpMDHk20	:	:	_
LpMDHk21	:		_
LpMDHk22		:	
LpMDHk23		:	-
	•	:	-
LpMDHk24		:	-
LpMDHk25		:	-
LpMDHk26	:	:	_
LpMDHk27		•	_
LpMDHk28			_
LpMDHk29		•	_
-		:	-
LpMDHk30		:	-
LpMDHk31		:	-
LpMDHk32		:	-
LpMDHk33	:	:	-
LpMDHk34	:		_
LpMDHk35		:	_
LpMDHk36		٠	_
-		:	-
LpMDHk37	•	:	-
LpMDHk38		:	-
LpMDHk39	:	:	_
LpMDHk40	:	:	_
LpMDHk41	:		_
LpMDHk42		:	
LpMDHk43		:	_
-		:	-
LpMDHk44		:	-
LpMDHk45		:	-
LpMDHk46	;	:	_
LpMDHk47	:	:	_
LpMDHk48	:		_
LpMDHk49		:	
LpMDHk50		:	_
-		:	-
LpMDHk51		:	-
LpMDHk52		:	-
LpMDHk53	:	:	-
LpMDHk54	:	:	_
LpMDHk55	:		_
LpMDHk56		:	_
LpMDHk57		٠	_
_		:	-
LpMDHk58		:	-
LpMDHk59		:	-
LpMDHk60		:	-
LpMDHk61	:	:	_
LpMDHk62	:	•	_
LpMDHk63		:	_
LpMDHk64		•	-
-	•	:	-
		:	_
LpMDHk66	: GACCTGGAGGGAGTGACGGAGTACGAGGCCAAGGCGCTTGANGCATTGAAGGCTGAGCTG	:	774

LpMDHk1	:		:	-
LpMDHk2	:		:	_
LpMDHk3	:		:	-
LpMDHk4	:		:	_
LpMDHk5	:		:	_
LpMDHk6	:		:	_
				-
LpMDHk7	:		:	-
LpMDHk8	:		:	-
LpMDHk9	:		:	-
LpMDHk10	:		:	-
LpMDHk11	:		:	-
LpMDHk12	:		:	-
LpMDHk13	:		:	-
LpMDHk14	:		:	-
LpMDHk15	:		:	-
LpMDHk16	:		:	_
LpMDHk17	:		:	_
LpMDHk18	:		:	_
LpMDHk19	:		:	_
LpMDHk20	:		:	_
LpMDHk21	:		:	_
LpMDHk22				_
	:		:	_
LpMDHk23	:		:	_
LpMDHk24	:		:	
LpMDHk25	:		:	_
LpMDHk26	:		:	-
LpMDHk27	:		:	-
LpMDHk28	:		:	_
LpMDHk29	:		:	-
LpMDHk30	:		:	-
LpMDHk31	:		:	-
LpMDHk32	:		:	_
LpMDHk33	:	~	:	_
LpMDHk34	:		:	-
LpMDHk35	:		:	_
LpMDHk36	:		:	
LpMDHk37	:		:	-
LpMDHk38	:			_
_			:	_
LpMDHk39	:		:	-
LpMDHk40	:		:	-
LpMDHk41	:		:	
LpMDHk42	:		:	_
LpMDHk43	:		:	-
LpMDHk44	:		:	-
LpMDHk45	:		:	-
LpMDHk46	:		:	-
LpMDHk47	:		:	-
LpMDHk48	:		:	-
LpMDHk49	:		:	-
LpMDHk50	:		:	-
LpMDHk51	:		:	-
LpMDHk52	:		:	_
LpMDHk53	:		:	_
LpMDHk54	:		:	_
LpMDHk55	:		:	_
LpMDHk56	:		:	_
LpMDHk57	:		:	_
LpMDHk58	:		:	_
				_
LpMDHk59	:		:	-
LpMDHk60	:		:	-
LpMDHk61	:		:	-
LpMDHk62	:		:	-
LpMDHk63	:		:	_
LpMDHk64	:		:	-
LpMDHk65	:		:	
LpMDHk66	:	AAG	:	777

		* 20 * 40 * 60.		
LpMDHl	:	GNAAACAGNNGCGNCTTTTCCTNCANTGTTGCCGTGCAATCGCTGANAAGTATCCAGAAA	:	60
LpMDHl	:	* 80 * 100 * 120 TCATATACGAGGAAGTAATTATTGATAACTGCTGTATGACGCTCGTGAAGAACCCTGGTA	:	120
LpMDH1	:	* 140 * 160 * 180 CGTTTGATGTATTAGTGATGCCAAATCTATATGGCGACATTATTAGTGATCTATGTGCTG	:	180
LpMDHl	:	* 200 * 220 * 240 GTTTGATCGGAGGCTTGGGCCTAACTCCCAGCTGCAACATTGGTGAAGGTGGCATTTGTC	:	240
LpMDH1	:	* 260 * 280 * 300 TTGCAGAGGCTGTCCATGGCTCTGCACCTGATATATCTGGCAAGAACCTGGCAAACCCAA	:	300
LpMDHl	:	* 320 * 340 * 360 CTGCTCTTATGCTGAGTGCTGTTATGATGTTGCGCCACTTGCAATTNAACGACCAAGCAN	:	360
MDHl		* 380 * 400 *  AACGGATCCACAATGCTATCCTCCAGACTATCGNCGAGGGGAAGNACANAACTG : 414		

## 98/241

* 20 * 40 * 60 LpMDHl: KQXXLFXXCCRAIAXKYPEIIYEEVIIDNCCMTLVKNPGTFDVLVMPNLYGDIISDLCAG: 60

* 80 * 100 * 120 LpMDHl : LIGGLGLTPSCNIGEGGICLAEAVHGSAPDISGKNLANPTALMLSAVMMLRHLQXNDQAX : 120

LpMDHl : RIHNAILQTIXEGKXXT : 137

LpMDHm	:	* GNCACCNCCAGNN	20 ACAACTCTGGT	* ACCTCAATTG	40 CTACTCCACA	* CCTCACTACT	60 CTACC	: 60
LpMDHm	:	* AATCCACTACACA	80 GCTTCGAGCTAC	* CCCGGCCCC	100 GCAATCCAAA	* CTACCTCTCC	120 CTAGCA :	: 120
LpMDHm	:	* AATCTACAACATG	140 AAGGCAGTCGTA	* AGCTGGAGCC	160 GCCGGTGGCA	* TTGGACAGCC!	180 ATTGTC :	: 180
LpMDHm	:	* CCTCCTCCTTAAG	200 ACCTGCCCGCTC	* CGTCACTGAG	220 CTCGCCCTAT	* ACGATGTCGT(	240 CAACGC :	240
LpMDHm	:	* CGTCGGTGTCGCG	260 ACTGACCTCTCC	* CACATCTCC	280 TCGCCCGCGA	* AAGTAACCGG(	300 CTACCT :	300
LpMDHm	:	* GCCGGCAAATGAC	320 GGTATGCAGCAG	* GCTCTCACT	340 GGCGCCGACA'	* FCGTGGTCATO	360 CCCCGC :	360
LpMDHm	:	* TGGTATTCCCCGC	380 AAGCCCGGCATG	* ACCCGTGAC	400 GACCTCTTCA	* AGATCAACGCC	420 CGGCAT ::	420
LpMDHm	:	* TGTCCAGGGTCTC	440 ATCGAGGGTGTC	* 'GCCAAGCAC'	460 IGCCCCAAGG	* CATACGTTCTC	480 GTCAT:	480
LpMDHm	:	* CTCCAACCCCGTC	500 AACTCGACTGTG	* CCCATCGCC	520 GCCGAGGTGC	* IGAAGAAGGCC	540 GGTGT :	540
LpMDHm	:	* CTTCGACCCCAAG	560 AAGCTCTTCGGT	* GTCACCACC	580 CTCGATGTCG	* CCGCGCCGAG	600 ACCTT :	600
LpMDHm	:	* CGTTGCCGAGATC	620 ACTGGCGAGAAG	* GACCCAGCG	640 AAGTTGAACA'	* PNCCCGTA •	652	

		*	20	*	40	*	60		
LpMDHm	:	XXPXTTLVPQLLLH	TSLLLPIHYT	'ASSYPAPAIQT	CTSP*QIYNMI	(AVVAGAAGG	IGQPLS	:	59
LpMDHm	:	* LLLKTCPLVTELAL	80 YDVVNAVGVA	* TDLSHISSPA	100 CVTGYLPANDO	* EMQQALTGAD	120 IVVIPA	:	119
LpMDHm	:	* GIPRKPGMTRDDLF	140 KINAGIVQGL	* IEGVAKHCPK	160 AYVLVISNPVI	* NSTVPIAAEV	180 LKKAGV	:	179
I ~MDIIm		*	200	* ************************************	(DV · 216				

## 101/241

LpPEPCa	:	* GNGTACACGAAATAGA	20 ATCAACGGAAAG	* ECANGAAGT	40 GATGATTGGGT	* ATCAGCATT	60 CTGG	:	60
LpPEPCa	:	* GAAGGATGCTGGCCGT	80 TTTCTCTGCTGG:	* TTGGCACTT	100 GTACAAAGCTC	* AAGAGGAGC'	120 TTAT	:	120
LpPEPCa	:	* TAAGGTTGCGGAGACC	140 GTTTGGGGTTAA	* SNTGACTAT	160 GTTTCATGGAC	* GAGGGGGTA	180 CTGT	:	180
LpPEPCa	:	* TGGAAGAGGTGGCGG	200 CCCTACCCATCT	* rgctatact	220 GTCACAACCTC	* CAGATACTG	240 TCCA	:	240
LpPEPCa	:	* TGGATCACTTCGGGTA	260 AACTGTTCAAGG	* IGAAGTCAT	280 TGAGCAGTCCT	* TCGGAGAGG	300 AGCA	<b>:</b>	300
LpPEPCa	:	* TTTGTGTTTTAGAACC	320 GCTTCAACGTTT	* FACAGCTGC	340 TACTCTTGAAC	* ATGGTATGC	360 ATCC	:	360
LpPEPCa	:	* ACCAATCTCACCTAAA	380 ACCAGAATGGCG	* IGCTTTGAT	400 GGATGAAATGG	* CTGTTGTTG	420 CCAC	:	420
LpPEPCa	:	* AGAGGAATACCGTTC	440 CATTGTTTTCCA	* AGAACCAAG	460 JATTTGTTGAGT	* ATTTCCGCC	480 TTGC	:	480
LpPEPCa	:	* AACACCAGAGCTCGAG	500 STATGGTAGGAT	* GAATATTGG	520 FAAGCAGGCCAT	* CAAAACGTA	540 AGCC	:	540
LpPEPCa	:	* AAGCGGAGGAATCGA	560 ATCATTGCGTGC	* AATTCCTTG	580 GGATATTTGCTT	* GGACACAGA	600 CTAG	:	600
LpPEPCa	:	* ATTCCACCTGCCAGT	620 GTGGCTTGNTTT	* TGGTGCGGC	640 CCTTCAAGCATG	* TCCTGCAAA	660 AGGA	:	660
LpPEPCa	:	* CATTCGTANTCTTCA	680 AATCCTTCAGCA	* GATGTACA	700 ACGAGTGGCCGT	* 'TTAGGGTTA	720 CCAT	:	720
r ~ DEDCa		* ************************************	740 3GTGTTTGCCAA	* GGGCGATCC	760 "AGGTATAGCAG				

# FIGURE 42

			20	r	40		60	
LpPEPCa	:	XTRNRINGKXEVMIGYQH	SGKDAGRFSAGV	VHLYKAQEI	ELIKVAETFGVK	XTMFHGRGG	rv :	60
LpPEPCa	:	* GRGGGPTHLAILSQPPDT	80 VHGSLRVTVQGI	-	100 EEHLCFRTLQRF		20 HP :	120
LpPEPCa	:	* 1 PISPKPEWRALMDEMAVV	.40 ATEEYRSIVFQI	_	160 RLATPELEYGRM		80 KP :	180
LpPEPCa	:	* 2 SGGIESLRAIPWIFAWTQ	00 TRFHLPVWLXF	_	220 QKDIRXLQILQQ		40 TI :	240
I.nDEPCa		* NI.VEMVFAKGDPGTAA :	256					

LpPEPCb	:	* GAAGAAGTTGCTGATGT	20 TTTAAGNACATT	* TNTGTCCT	40 TGCAGAGCTCC	* CAGCAGATT	60 GTT	:	60
LpPEPCb	:	* TTGGTGCTTACATCATC	80 TCAATGGCAACT	* GCCCCATC	100 TGATGTGCTTG	* CTGTTGAGO	120 TTT	:	120
LpPEPCb	:	* TGCAGCGGGAGTGCCAT	140 ATAAAAAAGCCA	* .TTGAGAGT	160 TGTTCCACTAT	* TTGAAAAGC	180 CTTG	:	180
LpPEPCb	:	* CAGATCTTGAANCAGCT	200 CCAGCATCTGTT	* CGCACGACT	220 'ATTTTCAATAG	* ACTGGTAC	240 ATGA	:	240
LpPEPCb	:	* ATAGAATCAATGGCAAG	260 CAGGAGGTCATG	* SATTGGATA	280 ACTCAGACTCTG	* GGAAGGACO	300 SCTG	:	300
LpPEPCb	:	* GGCGTCTCTCTGCAGCG	320 TGGCAAATGTAT	* CAAAGCACA	340 AGAAGATCTCA	* .TAAAGGTG(	360 CAA	·:	360
LpPEPCb	:	* AGCAATATGGAGTAAAG	380 TTAACAATGTTI	* CCATGGAAG	400 BAGGTGGAACGG	* TTGGCAGA	420 EGAG	:	420
LpPEPCb	:	* GTGGTCCCAGTCATCTT	440 GCTATATTATCI	* CAACCACO	460 CAGACACGATAC	* AAGGATCA	480 CTTC	:	480
LpPEPCb	:	* GTGTAACAGTTCAAGGC	500 CGAGGTCATAGAC	* GCACTCATI	520 TTGGAGAGGAAC	* ACTTGTGC	540 TTCA	:	540
LpPEPCb	:	* GAACTCTGCAACGTTTC	560 CACTGCAGCTAC1	* CCTTGAGC#	580 ATGGAATGCATO	* CTCCAATT	600 CAC	÷	600
LpPEPCb	:	* CCAAGCCAGAATGGCGT	620 IGCTATAATGGAT	* FGAGATGGC	640 CTGTAGTGGCA	* \CAAAAGAA	660 FATC	:	660
LpPEPCb	:	* GATCAATTGTCTTCCAA	680 AGAACCACGTTT	* rgtcgaati	700 ACTTCCGCTCGC	* GCAACACCT(	720 GAGA	:	720
LpPEPCb	:	* CTGAATATGGTCGGATC	740 JAATATTGGTAG	* CCGGCCAT	760 CAAAGAGAAAG	* CCTAGTGGA	780 GGCA	:	780
LpPEPCb	:	* TAGAATCGCTCCGTGC	800 AATTCCATGGAT	* CTTTGCTT(	820 GGACACAGĄCA	* \GGTTTCAT	840 CTTC	:	840
LpPEPCb	:	* CTGTATGGCTTGGATT	860 IGGTGCAGCGTT	* CAAACATA:	880 CATGCAGAAGO	* SACATCAGG	900 AATA	:	900

## 104/241

		* 920 * 940 * 960		
LpPEPCb	:	TCCATACTCTGAAAGAAATGTACAATGAGTGGCCATTCTTTAGGGTCACCCTTGACTTGC	:	960
LpPEPCb	:	* 980 * 1000 * 1020 TTGAGATGGTTTTTGCCAAGGGAGATCCAGGAATTGCTTG	:	1020
LpPEPCb	:	* 1040 * 1060 * 1080 TGTCTGAAGATCTGCAGCCCTTTGGGGAGCAGCTGAGAAACAACTTTGAAGAGACGAAAC	:	1080
LpPEPCb	:	* 1100 * 1120 * 1140 AGTTACTCCTTCAGGTTGCTGGCCACAAGGACGTTCTTGAAGGGGATCCTTACCTGAAGC	;	1140
LpPEPCb	:	* 1160 * 1180 * 1200 AGCGTCTGCGGTTGCGTGAGTCATACATCACAACATTGAATGTTTGCCAAGCCNACACCC	:	1200
LpPEPCb	:	* 1220 * 1240 * 1260 TGAAGCGGATAAGAGACCCTAGCTTCGAGGTGACACCGCAGCAGCACCTCTGTCGAAGG	:	1260
LpPEPCb	:	* 1280 * · 1300 * 1320 AGTTCGCTGATGAGAGGAGCCAGCTGAGCTGGCAACTGAACCGTGGGAGCGAGTACG	:	1320
LpPEPCb	:	* 1340 * 1360 * 1380 CCCCAGGCCTGGAGGACACCCTCATCCTTACCATGAAGGGTATTTGCTGTGGAATGCAAA	:	1380
LpPEPCb	:	* 1400 * 1420 * 1440 ACACAGGCTAGGCCAGTTTGCCTATTTGGAATAACTGTCATCCCGTCAGATGGGGCGTGA	:	1440
LpPEPCb	:	* 1460 * 1480 * 1500 ATATGTGTGTCCCCAAATGCTAGTGAACCCTGGAGGCATTTTGGCCACTTACATGCCTT	:	1500
LpPEPCb	:	* 1520 * 1540 * 1560 TTGGTTATGGATGNACTTTGATCTTAATGNCAAGGGTTGTTGAAGCCTGATCTAAATAAA	:	1560
LpPEPCb	:	* 1580 * 1600 * 1620 ATATGGAACAATGATATTCTGGTNGGATCTAATAATTTGCTTGGCTCTGGCATCGNAATA	:	1620
LpPEPCb	:	* 1640 GNGATTTGGAGTNGTTTAAC : 1640		

# FIGURE 44 (cont.)

LpPEPCb	:	RSCXCFKXIXVLAELPADCFGAYIISMATAPSDVLAVELLQRECHIKKPLRVVPLFEKLA:	:	60
LpPEPCb	:	* 80 * 100 * 120 DLEXAPASVARLFSIDWYMNRINGKQEVMIGYSDSGKDAGRLSAAWQMYKAQEDLIKVAK :	•	120
LpPEPCb	:	* 140 * 160 * 180 QYGVKLTMFHGRGGTVGRGGGPSHLAILSQPPDTIQGSLRVTVQGEVIEHSFGEEHLCFR:	•	180
LpPEPCb	:	* 200 * 220 * 240 TLQRFTAATLEHGMHPPISPKPEWRAIMDEMAVVATKEYRSIVFQEPRFVEYFRSATPET:	:	240
LpPEPCb	:	* 260 * 280 * 300 EYGRMNIGSRPSKRKPSGGIESLRAIPWIFAWTQTRFHLPVWLGFGAAFKHIMQKDIRNI:	:	300
LpPEPCb	:	* 320 * 340 * 360 HTLKEMYNEWPFFRVTLDLLEMVFAKGDPGIAALYDKLLVSEDLQPFGEQLRNNFEETKQ	:	360
LpPEPCb	:	* 380 * 400 * 420 LLLQVAGHKDVLEGDPYLKQRLRLRESYITTLNVCQAXTLKRIRDPSFEVTPQQAPLSKE	:	420
LpPEPCb	:	* 440 * 460 FADEKEPAELVQLNRGSEYAPGLEDTLILTMKGICCGMQNTG: 462		

	* 20 * 40 * 60	
LpPEPCb1:	GAAGAAGTTGCTGATGTTTTAAGNACATTTNTGTCCTTGCAGAGCTCCCAGCAGATTGTT	: 60
LpPEPCb2 :		: -
LpPEPCb3 :		: -
LpPEPCb4 :		: -
LpPEPCb5 :		: -
LpPEPCb6:		: -
-		
	* 80 * 100 * 120	
LpPEPCb1 :	TTGGTGCTTACATCATCTCAATGGCAACTGCCCCATCTGATGTGCTTGCT	: 120
LpPEPCb2 :		
LpPEPCb3 :		: -
		: _
LpPEPCb4:		: _
LpPEPCb5 :		-
LpPEPCb6:		: -
	* 140 * 160 * 180	
LpPEPCb1 :	TGCAGCGGGAGTGCCATATAAAAAAGCCATTGAGAGTTGTTCCACTATTTGAAAAGCTTG	: 180
LpPEPCb2 :		: -
LpPEPCb3 :		: -
LpPEPCb4 :		: -
LPPEPCb5 :		: -
LpPEPCb6 :		: -
<b></b>	·	
	* 200 * 220 * 240	
LpPEPCbl :	CAGATCTTGAANCAGCTCCAGCATCTGTTGCACGACTATTTTCAATAGACTGGTACATGA	: 240
LpPEPCb2 :		:
-		: _
LpPEPCb3 :		
LpPEPCb4 :		•
LpPEPCb5 :		: -
LpPEPCb6 :		: -
•		
	* 260 * 280 * 300	
LpPEPCb1 :	ATAGAATCAATGGCAAGCAGGAGGTCATGATTGGATACTCAGACTCTGGGAAGGACGCTG	: 300
LpPEPCb2 :		: -
LpPEPCb3 :		: -
LpPEPCb4 :		: -
LpPEPCb5 :		: -
LPPEPCb6 :		: -
=		
	* 320 * 340 * 360	
LpPEPCb1 :	GGCGTCTCTCTGCAGCGTGGCAAATGTATAAAGCACAAGAAGATCTCATAAAGGTGGCAA	: 360
LpPEPCb2	GTATAAAGCACAAGAAGATCTCATAAAGGTGGCAA	: 35
LpPEPCb3		-
LpPEPCb4		
LpPEPCb5		· -
LpPEPCb6		
Thercoe	,	•
	1 200	
	* 380 * 400 * 420	
LpPEPCb1	AGCAATATGGAGTAAAGTTAACAATGTTTCATGGAAGAGGTGGAACGGTTGGCAGAGGAG	: 420
LpPEPCb2	AGCAATATGGAGTAAAGTTAACAATGTTTCATGGAAGAGGTGGAACGGTTGGCAGAGGAG	: 95
LpPEPCb3	AATGTTT-NTGGAAGAGGTGGAACGGTTGGCAGAGGAG	: 37
LpPEPCb4	GCAÑAGGAG	: 9
LpPEPCb5		: -
LpPEPCb6		: -

		440	*	460	*	480	
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 : LpPEPCb3 :	GTGGTCCCAGTCATC GTGGTCCCAGTCATC GTGGTCCCAGTCATC	TTGCTATATTATC TTGCTATATTATC TTGCTATATTATC	TCAACCAC TCAACCAC	CAGACACGATA CAGACACGATA ÑAGACACGATA	ACAAGGATCA ACAAGGATCA	CTTC:	97
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	GTGGTCCCAGTCATC	TTGCTATATTATC	TCAACCAC	CAGACACGAT	ACAAGGATCA	CTTC:	69 - -
-							
	*	500	*	520	*	540	540
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 :	GTGTAACAGTTCAAG GTGTAACAGTTCAAG	GCGAGGTCATAG!	AGCACTCAT	[TTGGAGÄGGA	ACACTTGTGC	TTCA:	540 215
LpPEPCb3 : LpPEPCb4 :	GTGTAACAGTTCAAG GTGTAACAGTTCAAG	GCGAGGTCATAG <i>I</i> GCGAGGTCATAG <i>I</i>	AGCACTCAT AGCACTCAT	TTTGGAGAGGA TTTGGAGAGGA	ACACTTGTG( ACACTTGTG(	TTCA :	157 129
LpPEPCb5 :						:	-
LpPEPCb6 :							
	*	560	*	580	*	600	
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 :	NAACTCTGCAACGTT GAACTCTGCAACGTT	TCACTGCAGCTAC	CTCTTGAG(	CATGGAATGCA' CATGGAATGCA'	TCCTCCAATT TCCTCCAATT	TTCCC :	600 275
LpPEPCb3:	GAACTCTGCAACGTT GAACTCTGCAACGTT	TCACTGCAGCTA	CTCTTGAG	CATGGAATGCA'	TCCTCCAAT:	TTCAC :	217 189
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 :	GAACICIGCAACGII	TCACTGCAGCTA	CICIIGAG			TICAC :	-
LpPEPCb6 :						:	-
	*	620	*	640	*	660	
LpPEPCb1 :	CCAAACCAGAATGGC	NTGCTATAATGG.	ATGANATG	GCTGTAGNGGC	AGCAAAAGA	AAATC	660 335
LpPEPCb2 : LpPEPCb3 :	CCAAGCCAGAATGGC	GTGCTATAATGG	ATGAGATG	GCTGTAGTGGC	AACAAAAGA.	ATATC :	277
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 :	CCAAGCCAGAATGGC	GTGCTATAATGG	ATGAGATG	GCTGTAGTGGC	AACAAAAGA	AVIAVIC	: 249 : -
LpPEPCb6 :						;	: -
		680	*	700	*	720	
LpPEPCb1 :	GATCAATTGNCTTCC	CAAGAACCGCMTT	TTGNCNAA	TA			697
LpPEPCb2 : LpPEPCb3 :	GATCAATTGTCTTCC GATCAATTGTCTTCC	CAAGAACCACGTT	TTGTCGAA	TACTTCCGCTC	GGCAACACC	TGAGA	: 395 : 337
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 :	GATCAATTGTCTTCC	CAAGAACCACGTT	TTGTCGAA	TACTTCCGCTC	GGCAACACC	TGAGA	: 309 : -
LpPEPCb6 :							: -
		740	•	760		780	
LpPEPCbl :					0000000000		
LpPEPCb2 :	CTGAATATGGTCGGACTGAATATGGTCGGA	ATGAATATTGGTA	GCCGGCCA	TCAAAGAGAAA	GCCTAGTGG	AGGCA	: 455 : 397
LpPEPCb4	CTGAATATGGTCGG	ATGAATATTGGTA	GCCGGCCA	TCAAAGAGAAA	GCCTAGTGG	AGGCA	: 369 : -
LpPEPCb6							: -
	*	800	*	820	*	840	
LpPEPCb1	TAGAATCGCTCCGTC		mompmoor.		A ACCEPTED		: - : 515
LpPEPCb2 LpPEPCb3	TAGAATCGCTCCGT	GCAATTCCATGGA	TCTTTGCT	TGGACACAGAC	GAGGTTTCA	TCTTC	: 457
LpPEPCb4 LpPEPCb5	TAGAATCGCTCCGT	GCAATTCCATGGA	ALCTITICE!	"TGGACACAGA(	XAGGTTTCA	VICERIA CO	: 429 : -
LpPEPCb6							: -

		*	860	*	880	*	900	
LpPEPCb1 : LpPEPCb3 : LpPEPCb4 : LpPEPCb5 :	CTGTATG	GCTTGGAT'	PTGGTGCAGCGTT PTGGTGCAGCGTT PTGGTGCAGCGTT	CAAACATA	ATCATGCAGAAGG	ACATCAGO	GAATA:	575 517 489
LpPEPCb6 :								-
		*	920	*	940	*	960	<b>,</b>
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 : LpPEPCb3 : LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	TCCATAC	TCTGAAAG	AAATGTACAATGA AAATGTACAATGA AAATGTACAATGA	GTGGCCA'	<b>ITCTTTAGGGTCA</b>	CCCTTGA(	CTTGC:	635 577 549 -
		*	980	*	1000	*	1020	
LpPEPCb1 : LpPEPCb3 : LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	TTGAGAT	GGTTTTTG GGTTTTTTG	CCAAGGGAGATCC CCAAGGGAGATCC CCGAGGGAGATCC CNAGGGAGATCC	CAGGGATT CAGGAATT	GCTGCTTTATATC GCTGCTTTATATC	ACAAATT( ACAAATT(	GCTTG :	695 637 609 50
		*	1040	*	1060	*	1080	
LpPEPCb1: LpPEPCb2: LpPEPCb3: LpPEPCb4: LpPEPCb5: LpPEPCb6:	TGTCTG	AAGATCTGC AAGATCTGC	AGCCCTTTGGGG. AGCCCTTTGGGG. AGCCCTTTGGGG.	AGCAGCTG AGCAGCTG	AGAAACAACTTT( AGAAACAACTTT(	Baagagac Baagagac	GAAAC :	755 697 669 110
r propert	0.0	*	1100	*	1120	*	1140	_
LpPEPCb1 : LpPEPCb3 : LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6	AGTTAC'	TCCTTCAGO TCCTTCAGO	ACACOMPTETTS ACACOBETE ACACOBETE ACACOBETE ACACOBETE ACACOBETE	AGGACGTT AGGACGTT AGGACGTT	'CTTGAĞGGGGAT(	CCTTACCT CCTTACCT	GAAGC:	785 757 729 170
z papa-1		*	1160	*	1180	*	1200	_
LpPEPCb1 LpPEPCb2 LpPEPCb3 LpPEPCb4 LpPEPCb5 LpPEPCb5	: AGCGTC	TGCGGTTG( TGCGGTTG(	CGTGAGTCATAC CGTGAGTCATACA CGTGAGTCATACA CGTGAGTCATACA	TCACAAC <i>I</i> TCACAAC <i>I</i>	TTGAATGTTTGC	CAAGCCTA	CACCC:	
		*	1220	*	1240	*	1260	
LpPEPCb3 LpPEPCb4 LpPEPCb5	TGAAGO	GGATAGA	GACCCTAGCTTCC	AGGTGAC	ACCGCAGCAGGCA	CCTCTGTC	GAAGG	- - -
LpPEPCb6	: TGAAGC	GGATAAGA	GACCCTAGCTTCG	AGGTGAC	ACCGCAGCAGGCA	CCTCTGTC	CGAAGG:	152

		*	1280	*	1300	*	1320	
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 :								
LPPEPCb3:							: -	
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	AGTTCGCT AGTTCGCT	GATGAGA GATGAGA	AGGAGCCAGCTG AGGAGCCAGCTG	AGCTGGT AGCTGGT	GCAACTGAACCGT GCAACTGAACCGT	'GGGAGCGA 'GGGAGCGA	AGTACG: 350 AGTACG: 212	
		*	1340	*	1360	*	1380	
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 :							: - : -	
LpPEPCb3:							: -	
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	CCCCAGGC	CTGGAGO CTGGAGO	GACACCCTCATCC GACACCCTCATCC	TTACCAT TTACCAT	GAAGGGTA <mark>-</mark> TTGC GAAGGGTATTTGC	CTGTGGAA' CTGTGGAA'	TGCAAA : 409 TGCAAA : 272	
		*	1400	*	1420	*	1440	
LpPEPCb1 : LpPEPCb2 :							: -	
LpPEPCb3 : LpPEPCb4 :							:	
LpPEPCb5 :	ACACAGGO ACACAGGO	CTAGGCC CTAGGCC	AGTTTGCCTA <mark>-</mark> TT AGTTTGCCTATTT	GGAATAA GGAATAA	CTGTCATIZCCGT( CTGTCATCCCGT(	CAGATGGG CAGAT <mark>-</mark> GG	GCGTGA: 468 GCGTGA: 331	
		*	1460	*	1480	*	1500	
LpPEPCb1 :				. <b></b>			: -	
LpPEPCb3 :				- <b></b>			: -	
LpPEPCb4 : LpPEPCb5 : LpPEPCb6 :	ATATGTG'	TGTTCCC TGTTCCC	CAAATGCTAGTGA CAAATGCTAGTGA	ACCCTGG ACCCTGG	AGGCATTTTGGC AGGCA <mark>-</mark> TTTGGC	CACTTACA CACTTACA	TGCCTT: 528 TGCCTT: 390	
		*	1520	*	1540	*	1560	
LpPEPCb1 :			<del></del>					
LpPEPCb3			<b></b>				: , -	•
-	TTGGTTA'	IGNATGN IGGATGN	AC <mark>-</mark> TTGATCTTAA ACTTTGATCTTAA	ATGNCAAC ATG∏CAAÎ	GGTTGTTGAAGC JGGTTGTTGAAGC	CTGATCTA CTGATCTA	AATAAA : 587 AATĀAA : 450	
		*	1580	*	1600	*	1620	
LpPEPCb1 LpPEPCb2	:							
LpPEPCb3 LpPEPCb4	:							-
LpPEPCb5	: ATATGGA	ACAATGA	TATTCTGG-NGG	ATCTAATA	AATTTGCTTGGCT	CTGGCATC	GNAATA : 646	
LpPEPCb6	: ATTATIGGA	ACAATGA	ŢĐĘŢĐĐTYTAT.	TTCT IAA			: 402	•
		*	1640					
LpPEPCb1 LpPEPCb2			: -					
LpPEPCb3 LpPEPCb4	:							
LpPEPCb5 LpPEPCb6		GGAGTNG	TTTAAC : 666					

		*	20	*	40	*	60		
LpPEPCc	:	AGCANTCTGTNCTT	TNCCANCAACC	ACGTTTTGTNC	GAATACTTN	CCGCTCGGCA	ACACCT	:	60
LpPEPCc	<b>:</b> .	* GCACACTGAATATO	80 GTCGGCATGA	* ATATTGGTAGO	100 CCGGCCATCA	* AAGAGAAAGC	120 CTAGTG	:	120
LpPEPCc	:	* GAGGCATAGAATCO	140 GCTCCGTGCAA	* TTCCATGCATC	160 CTTTGNTTGG	* ACACAGACAA	180 GGNTTN	:	180
こっりをりぐっ		* አጥነነጥጥሮሮጥርጥልጥርና	200 VCTTGNATTCG	* NCTCCACCNCC	220 CACCCCCNTA	: 224			

## 111/241

* 20 * 40 * 60 LpPEPCc : XSXLXXNHVLXEYXPLGNTCTLNMVGMNIGSRPSKRKPSGGIESLRAIPCIFXWTQTRXX : 60

LpPEPCc : XPVXLXFXSTXTP : 73

		* 20 * 40 * 60		
LpPEPCd	:	GTTNCTGGAACNAAGGATCTTCTTGAAGGTGATCCCTACCTGAAGCAGCGGCTCCGCCTC	:	60
LpPEPCd	:	* 80 * 100 * 120 CGTGACGCGTACATCACCACCATGAACGTATGCCAGGCCTACACATTGAAGCGGATCCGT	:	120
LpPEPCd	:	* 140 * 160 * 180 GACCCAGACTACCACGTCGCACTGCGGCCCCATCTTTCCAAGGAGGTTATGGACACAAGC	:	180
LpPEPCd	:	* 200 * 220 * 240 AAGCCGGCTTCCGAGCTTGTGACGCTGAACCCGGCCAGCGAGTACGCCCCGGGGCTGGAG	:	240
LpPEPCd	:	* 260 * 280 * 300 GACACCCTCATCTTGACCATGAAGGGCGTTGCTGCCGGTCTGCAAAACACCGGTTAGGGC	:	300
LpPEPCd	:	* 320 * 340 * 360 CAGGAGAGATGCCTGATCACCATCTTTTGTATCTTCATGATGATGCGATGTTTTTCTTT	:	360
LpPEPCd	:	* 380 * 400 * 420 AGTCGTTTGCGGTGGGCCTTATATCTCTCGGACGTAGCTGCATCTGTCTCCCTGCTCAGT	:	420,
LpPEPCd	:	* 440 * 460 * 480 GAGGAATAATGGCCCCAAGTATATTGATAAATAAAGGGAACCGATGTTAATTTC	:	480%
LpPEPCd	:	* 500 * 520 AGATTTGTTAGTAATTGTTCTATTTATTTTGCGAAAAAAAA		

#### 113/241

* 20 * 40 * 60 LpPEPCd : VXGXKDLLEGDPYLKQRLRLRDAYITTMNVCQAYTLKRIRDPDYHVALRPHLSKEVMDTS : 60

* 80 *

LpPEPCd : KPASELVTLNPASEYAPGLEDTLILTMKGVAAGLQNTG : 98

		* 20 * 40 * 60		
LpPEPCe	:	GTTACACGCGCAGTTTGCTTGTTAGCAAGGNAGATGGCTGCTAACTTGTACTTCŢCTCAG	:	60
LpPEPCe	:	* 80 * 100 * 120 ATAGAAGATCTGATGTTTGAGCTCTCTATGTGGCGCTGCAGTGATGAACTTAGGGTCCGT	:	120
LpPEPCe	:	* 140 * 160 * 180 GCAGATGAAGTACATCTGTCCTCAAAAAAAAATCTGCAAAGCATTACATAGAGTTCTGG	:	180
LpPEPCe	:	* 200 * 220 * 240 AAGCAAGTTCCTCCAAATGAACCTTATCGTGTCATACTTGGCGATGTCAGGGATAAACTG	:	240
LpPEPCe	:	* 260 * 280 * 300 TACTATACGCGCGAACGTTCTCGCCACATATTGACAACTGGAATTTCAGACATTCCAGAA	:	300
LpPEPCe	:	* 320 * 340 * 360 GNGTCAACTTTTACTAATGTTGAACTGTTTCTGGAACCTCTTGAGCTGTGCTACAGATCC	:	360
LpPEPCe	:	* 380 * 400 * 420 TTATCTTNCTGTGGNGACAANCTATTGCTGANGGAAGCCTTCTTGATTTCTNGCGNNCN	:	420
InPEPCe	:	* 440 * GNATCNACTTTGTGGGCTTACTCTNGCGAA : 450	į	

PCT/AU2004/000493 WO 2004/089066

#### 115/241

40 60 LPPEPCe : VTRAVCLLARXMAANLYFSQIEDLMFELSMWRCSDELRVRADEVHLSSKKKSAKHYIEFW : 60

80 100 LPPEPCe : KQVPPNEPYRVILGDVRDKLYYTRERSRHILTTGISDIPEXSTFTNVELFLEPLELCYRS : 120

140 LpPEPCe : LSXCXDKXIAXGSLLDFXXXXXTLWAYSXE : 150

		*	20	*	40	*	60		60
LpPEPCi	:	GGGGTGGTGGCCCTN	CTCACCTTG	CCTNCCTGTCT	CANCCACCA	GNCACAATCAA	CGGAT	:	60
		*	80	*	100	*	120		
LpPEPCf	:	CACTCCGGGTGACTG	TTCAAGGTG	AAGTTATTGAG	CAGAGCTTT	GGGGAGGAACA	CTTGT	:	120
		*	140	*	160	*	180		
LpPEPCf	:	GCTTCAGGACGCTGC	AGCGTTTCA	CAGCTGCTACT	CTTGAGCAT	GGGATGCGTCC	CACCCA	:	180
		*		*		*	240		•
LpPEPCf	<b>:</b>	TTTCACCAAAGCCAG	AGTGGCGAG	CTCTTCTTGAT	'GÀGATGGCT	GTGGTTGCAAC	TGAGG	:	240
		*	260	*	280	*	300		
LpPEPCf	:	AATACCGGTCAATCG	TCTTCCAAG	AACCACGCTTC	GTCGAGTAT	TTCCGCCTTGC	CAACAC	:	300
		*	320	*	340	*	360		
LpPEPCf.	:	CAGAGACAGAGTATO	GCAGGATGA	ATATAGGAAGO	AGGCCATCA	AAGAGAAAACO	CAAGTG	:	360
		*	380	*	400	*	420		
LpPEPCf	:	GTGGCATTGAATCAC	CTCCGTGCAA	TTCCATGGATC	TTCGCATGG	ACGCAGACAC	GTTCC	:	420
		*	440	*	460	*	480		
LpPEPCf	:	ACCTTCCAGTCTGG7	TGGGCTTTG	GTGGTGCATTC	AAGCATATC	CTCAAGAAGG	ACATCA	:	480
		*	500	*	520	*	540		
LpPEPCf	:	GAAATTTCCATATGO	CTCCAGGAGA	TGTACAACGAG	TGGCCATTI	TTCAGGGTCA		:	540
		*	560	*	580	*	600		
LpPEPCf	:	ATCTTGTTGAGATG		AGGGTAACCCI		GCCTTGTATG		:	600
		*	620	*	640				
LODEDOF		тсстаатттс <b>а</b> ааа		CACTGGGTGAC		: 644			

		*	20	*	40	*	60		
LpPEPCf	:	GGGPXHLAXLSXPPX	(TINGSLRVT	VQGEVIEQSFG	EEHLCFRTL	QRFTAATLEHG	MRPPI	:	60
LpPEPCf	:	* SPKPEWRALLDEMA\	80 VVATEEYRSI	* VFQEPRFVEYF	100 RLATPETEY	* GRMNIGSRPSK	120 RKPSG	:	120
LpPEPCf	:	* GIESLRAIPWIFAWI	140 CQTRFHLPVW	* LGFGGAFKHIL	160 KKDIRNFHM	* LQEMYNEWPFF	180 RVTID	:	180
LoPEPCf	:	* LVEMVFAKGNPGIA	200	* ELOPLGDKLR	: 214				

# 118/241

TrMDHa	:	* 20 * 40 * 6 GGCTTCTTAAAAACNCACTAAACTCTTTTCTATTGTTCTTATTTCTTCGATCTATTTCC	0 !A	:	60
TrMDHa	:	* 80 * 100 * 12 ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGC		:	120
TrMDHa	:	* 140 * 160 * 18 CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCA		:	180
TrMDHa	:	* 200 * 220 * 24 ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGA		:	240
TrMDHa	:	* 260 * 280 * 30 GCTGCATTCCCTCTTCAAAGGAGTTGTTGCTACAACTGATGTGGTTGAGGCATGCAC		:	.300
TrMDHa	:	* 320 * 340 * 36 GGTGTCAATATTGCCGTTATGGTTGGTGGGTTCCCTAGAAAAGAAGTATGGAGAGGAA		:	360
TrMDHa	:	* 380 * 400 * 42 GATGTGATGACAAAAATGTCTCTATTTACAAGTCTCAGGCTTCTGCCCTTGAAAAACA	-	:	420
TrMDHa	:	* 440 * 460 * 48 GCTGCTGCAAACTGCAAGGTTCTTGTTGTTGCCAACCCAGCAAACACCAATGCATTGAT		:	·480
TrMDHa	:	* 500 * 520 * 54 TTGAAGGAATATGCTCCATCCATTCCTGAGAAAAACATTTCTGCTTTGACTAGATTGGA		:	540
TrMDHa	:	* 560 * 580 * 60 CATAACAGGGCACTAGGTCAAATTTCTGAAAGACTAAACGTTGAAGTTTCTGATGTGAA	_	:	600
TrMDHa	:	* 620 * 640 * 66 AATGTTATAATATGGGGGAAATNATTCATCAACTCAATACCCTGNTGTNAACCACNCAA		:	660
TrMDHa	:	* CGTTAAAATCTCCT : 674			

# FIGURE 55

TrMDHa	:	MAKDPVRVL	* VTGAAGQI	20 GYALVPMIARGV	* /MLGPDQP\	40 /ILHMLDIPPAAI	* ESLNGVKME	PAD PAD	:	60
FrMDHa	:	AAFPLLKGV	* VATTDVVE	80 ACTGVNIAVMVO	* GGFPRKEGN	100 MERKDVMTKNVSI	-	120 EKH	:	120
IrMDHa	:	AAANCKVLV		140 ALILKEYAPSII	* PEKNISALT	160 FRLDHNRALGQIS	-	180 DVK	:	180
				200						

		* 20 * 40 * 60		
m1/mrr- 1	. 1	* 20 * 40 60 60 GENTTCTTEMAAACNONCTAALATCTTTCTATTGTNCTNNTTTCTTCGATCTATTTCCA		60
TrMDHa1	•	GCNNCTTATATCTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCT	:	59
TrMDHa2	:	-GCMTCTT-AAAAC-CACTAAACTCTTTTCTATTGTTCTTATTTCTTCGATCTATTTCCA		57
TrMDHa3	:	-GCMTCTT-AAAAC-CACTAAACTCTTTTCTATTGTTCTTATTTCTTCGATCTATTTCCA	:	5 <i>7</i>
TrMDHa4	:	-CTTCTT-WAAAC-CACTAAACTCTTTTCTATTGTTCTTATTTCTTCGATCTATTTCC	:	55
TrMDHa5	:			54
TrMDHa6	:	CNTTAAAACNCACTAAACTCTTTTTCTATTTTCTTCGATCTATTTTCN		45
TrMDHa7	:		:	45
TrMDHa8	:	CACT-AACTCTTTTCT-TTGTTCTTÄTTTCTTCGATC-ATTTCC-	:	41
TrMDHa9	:	TAAACTCTTNTCTATTGTTCTTNTTTTCTTCGATCTATTTCC-	:	41
TrMDHa10	:	AAACTCTTTTCTATTGTTCTTATTCTTCGATCTATTTCCA		41
TrMDHa11	:			
		* 80 * 100 * 120		120
TrMDHal	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCNCTGGTGCTGCAGGACAACTTGGGTATGCT	•	119
TrMDHa2	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	•	117
TrMDHa3	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	:	
TrMDHa4	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	:	117
TrMDHa5	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAACTTGGGTATGCT	:	115 114
TrMDHa6	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAGTTGGGTATGCT	:	
TrMDHa7	:	ATGGCC AAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	:	104 103
TrMDHa8	:	ATGGCC AAGACCCAGTTCGTGTTCTTGT - CCTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	:	99
TrMDHa9	:	ATGGCC-AAGACCCAGTTCGTGTTCTTGT-ACTGGTGCTGCAGGACAAGTTGGGTATGCT	•	100
TrMDHa10	:	ATGGCC-AAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	•	101
TrMDHa11	:	ATGGCCAAAGACCCAGTTCGTGTTCTTGTCACTGGTGCTGCAGGACAAATTGGGTATGCT	•	TOT
		* 140 * 160 * 180		
TrMDHa1	:	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGMCCTGACCAMMCTGTGATCCTMCAC	:	180
TrMDHa1 TrMDHa2	:	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTEGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	:	179
	: :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	:	179 177
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4	: : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	:	179 177 177
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5	: : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : :	179 177 177 175
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6	: : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	:	179 177 177 175 174
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7	: : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	:	179 177 177 175 174 164
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8	: : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : :	179 177 177 175 174 164 163
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa8	: : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159 160
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa8	: : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC	: : : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159 160
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11	: : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC  * 200	: : : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159 160
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC  * 200 * 220 * 220 * 240 ATGCTTGACATNCACCTGGAG	: : : : : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159 160 161
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCTTGACATTCCTCCAC	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	179 177 177 175 174 164 163 159 160 161
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa13		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCCACCTGGAG ATGCTTGACATNCACCTGGAGCAATCACTGAACGGTGTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 177 175 174 164 163 159 160 161
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa2 TrMDHa3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCACCTGGAG ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCCACCTGCAGC ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTÄAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa5 TrMDHa6		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235 234
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCACCTGCAG ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235 234 224
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCCACCTGCAG ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235 234 224 223
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa8		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGICCTGACCAMICTGTGATCCTMCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATCACTGAACGGTGTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235 234 224 223 219
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8		CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGNCCTGACCANNCTGTGATCCTNCAC CTTGTCCCTATGATTGCTAGGGGAGTGATGCTCGGCCCTGACCAGCCTGTGATCCTCCAC CTTGTCCCTATGATTCCACCTGCAG ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTGAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAAATGGAGTTGGTGGAT ATGCTTGACATTCCACCTGCAGCCGAATCACTCAACGGTGTTAAAATGGAGTTGGTGGAT		179 177 175 174 164 163 159 160 161 202 239 237 237 235 234 224 223 219 220

			*	260	*	280	*	300	
TrMDHa1	: ;				TTTTCCTA CO	A CTC ATCTCCTT	CACCCATC	CACT :	- 299
TrMDHa2 TrMDHa3	: 1	GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGIIG TTAAAGGAGTTG	TIGCIACE	ACTGATGTGGTT ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT:	297
TrMDHa4		GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTO	TTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT :	
TrMDHa5		GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTO	TTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT :	295
TrMDHa6						ACTGATGTGGTT			294
TrMDHa7		GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTO	STTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT :	284
TrMDHa8						ACTGATGTGGTT			283
TrMDHa9	:	GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTO	STTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT :	279
TrMDHa10	: '	GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTO	TTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT :	
TrMDHa11	:	GCTGCATTC	CCTCTTC	TTAAAGGAGTTC	TTGCTACA	ACTGATGTGGTT	GAGGCATG	CACT:	281
٠			*	320	*	340	*	360	
TrMDHa1	:							:	· -
TrMDHa2	:	GGGGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGG	GGTTCCCT	'AGAAAAGAAGGT	ATGGAGAG	GAAA :	359
TrMDHa3						'AGAAAAGAAGG' 'AGAAAAGAAGG'			
TrMDHa4						'AGAAAAGAAGG' 'AGAAAAGAAGG'I			
TrMDHa5 TrMDHa6	:	CCTCTÑA AT	DODDITA DOMOTRA	TEDITEDITATI NOTENTATION	room toos Room Tirons	a <mark>c</mark> nanagaa <mark>c</mark> gt	MT		344
TrMDHa7		GGTGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGGT	GGTTCCCT	AGAAAAGAAGGT	ATGGAGAG	GAAA :	344
TrMDHa8	:	GGTGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGGT	GGTTCCCT	AGAAAAGAAGGT	ATGGAGAG	GAAA :	343
TrMDHa9	:	GGTGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGGT	GGTTCCCI	'AGAAAAGAAGG'I	ATGGAGAG	GAAA :	339
TrMDHa10	:	GGTGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGGT	GGTTCCCT	'AGAAAAGAAGG'	ATGGAGAG	GAAA :	340
TrMDHa11	:	GGTGTCAAT	ATTGCCG	TTATGGTTGGT	GGTTCCCT	tañaaaagaañgt	TATGGAGAC	GAAA:	341
			*	380	*	400	*	420	
TrMDHa1	:				*		*		<del>-</del>
TrMDHa1 TrMDHa2	:	GATGTGATG	ACAAAA	ATGTCTCTATT	* TACAAGTCI	CAGGCTTCTGC	* CCTTGAAAA	ACAT	: 419
TrMDHa2 TrMDHa3	:	GATGTGATG	BACAAAAA BACAAAAA	ATGTCTCTATT	TACAAGTC:	CAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA	ACAT	: 417
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4	: : : : :	GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTC' FACAAGTC'	CAGGCTTCTGC( CAGGCTTCTGC( CAGGCTTCTGC(	CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT	417 417
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5	: : : : :	GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTC' FACAAGTC'	CAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT	417
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6	: : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	BACAAAA BACAAAA BACAAAAA BACAAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT	TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT	417 417
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7	: : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	GACAAAA GACAAAA GACAAAAA GACAAAAA GACAAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	TACAAGTCT TACAAGTCT TACAAGTCT TACAAGTCT	TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT	417 417 415
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6	: : : : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	GACAAAA GACAAAA GACAAAAA GACAAAAA GACAAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	TACAAGTCT TACAAGTCT TACAAGTCT TACAAGTCT TACAAGTCT	TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC TCAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : -
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT	CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : - : 404 : 403 : 399 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa8	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT	TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO TCAGGCTTCTGCO	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : - : 404 : 403 : 399
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10		GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT	CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : - : 404 : 403 : 399 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA BACAAAA	ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT ATGTCTCTATT	FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT FACAAGTCT	CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC CAGGCTTCTGCC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : - : 404 : 403 : 399 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA ACAAAAA	ATGTCTCTATT	TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC'	CAGGCTTCTGCO	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400
TrMDHa2 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11		GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG GATGTGATG	ACAAAA ACAAAA ACAAAA ACAAAA ACAAAA ACAAAA ACAAAA AACAAAA *	ATGTCTCTATT	TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC'	CAGGCTTCTGCO CCAGCAAACAC	CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa12 TrMDHa2		GATGTGATG	ACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT	TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' *  GTTGCCAA	CAGGCTTCTGCO CCAGCAAACAC	CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 479 : 477
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1		GATGTGATG	ACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT	TACAAGTC'	CAGGCTTCTGCO CCAGCAAACACCCCCAGCAAACAC	CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa4	:	GATGTGATG	ACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT	TACAAGTC'	CAGGCTTCTGCO CCAGCAAACAC	CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 479 : 477
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6	:	GATGTGATG	ACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGCAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT	IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' * GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA	CCAGCAAACAC	CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 400
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa4	:	GATGTGATG	AAACTGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT	IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' TACAAGTC' * GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA	CCAGCAAACAC CCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC	CCTTGAAAA	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 477 : 477 : 475 : -
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7	:	GATGTGATG GATGTATG GATGTAT	ACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT AGGTTCTTGTT	IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' IACAAGTC' TACAAGTC' * GTTGCCAAGTC' GTTGCCAAGTC' GTTGCCAAGTC' GTTGCCAAGTC'	TCAGGCTTCTGCO TCAGGCAAACAC TCCAGCAAACAC TCCAGCAAACAC TCCAGCAAACAC TCCAGCAAACAC TCCAGCAAACAC	CCTTGAAAA CCAATGCAT CAATGCAT CAATGCAT CAATGCAT CAATGCAT CAATGCAT	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 477 : 477 : 477 : 475 : 464 : 463 : 459
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8	: : : : : :	GATGTGATG GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA GCTGCTGCA	AACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAACTGCAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAACTGCAAAAAAAA	ATGTCTCTATT AGGTTCTTGTT AGGGTTCTTGTT	TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC' TACAAGTC'  *  GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA GTTGCCAA	CCAGCAAACAC CCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC CCCAGCAAACAC	CCTTGAAAA CCAATGCAT CAATGCAT CCAATGCAT CCAATGCAT CCAATGCAT CCAATGCAT	ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT ACAT	: 417 : 417 : 415 : 404 : 403 : 399 : 400 : 400 : 477 : 477 : 477 : 475 : 464 : 463

		*	500	*	520	*	540	
TrMDHal							:	_
TrMDHa2	. 1	TTGAAGGAATATG	CTCCATCCATTCC	CTGAGAAA	ACATTTCTGCT	TTGACTAGA	TTGGAC:	539
TrMDHa3		TTGAAGGAATATG	CTCCATCCATTCC	CTGAGAAA	ACATTTCTGCT	TTGACTAGA	TTGGAC :	537
TrMDHa4		TTGAAGGAATATG						537
TrMDHa5		TTGAAGGAATATG	CTCCATCCATTC	CTGAGAAA	ACATTTCTGCT	TTGACTAGA	TTGGAC :	535
TrMDHa6	: '						:	_
TrMDHa7	. 1	TTGAAGGAATATG	CTCCATCCATTC	CTGAGAAA	ACATTTCTGCT	TTGACTAGA	TTGGAC :	524
TrMDHa8		TTGAAGGAATATG						523
TrMDHa9		TTGAAGGAATATG						519
TrMDHa10		TTGAAGGAATATG						520
TrMDHa11		TTGAAGGAATATG	CTCCATTCATTC	CTGAÑAAA	ACATTTNTGCT	TTGACTAGA	TTGGAC :	
TIMDIALL		110111001111111	0100111,3					
		*	560	*	580	*	600	
TrMDHal							;	_
TrMDHa2		CATAACAGGGCAC	TTGGTCA					559
TrMDHa3		CATAACAGGGCAC		CTGAA				567
TrMDHa4	-	CATAACAGGGCAC						575
TrMDHa5	:	CATAACAGGGCAC				AGTTTCTGAT	GTGAAA	595
TrMDHa6		CATAACAGGGCAG						-
TrMDHa7		CATAACAGGGCAC	TACCTOAAATT	CTGAAAGA				558
TrMDHa7	:	CATAACAGGGCAG				AGTTTCTGAT	TGTGAAA	583
TrMDHa9	•	CATAACAGGGCAC	TAGGTCMATT	CTGAAAGA	TAAACGTTGA	AGTTTCTGAT	GTGG	577
TrMDHa10	:	CATAACAGGGCA	TACCTCAAATTT	CTGAAAGA	TAAACGTTGA	AGTTTCTGAT	TGTGAAA	580
TrMDHa10		CATAACAGGGCAC	TTAGGICAAATTT	NTGAAAÑA	CTAAACGTTGA	AGTTTÑTGAT	TGTGAAA	580
IIMDHAII	•	CATAACAGGGCAG	11100/0/0111111	,,10,111,,,1	01/11/100110/11			
		*	620	*	640	*	660	
TrMDHal	:	*	620	*	640 	*	660	: -
TrMDHa1 TrMDHa2	:	*	620 	* 	640 	* 	660	: - : -
TrMDHa2	:	*	620	*	640 	* 	660	: - : -
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	*	620	*	640	*	660	: - : - : -
TrMDHa2 TrMDHa3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AATGTTAT-A-A		*	640	*	660	: - : - : - : 606
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	* AATGTTAT -A - A		*	640	*	660	: - : - : - : 606
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	* AATGTTAT -A - A		*	640	*	660	: - : - : - : 606 : -
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7	•:	* AATGTTAT - A - A: AATGTTATAATG		*	640	*	660	: - : - : - : 606 : - :
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8	•:			*	640	*	660	: - : · -
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : · -
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : : 599
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa8	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa11	•:	AATGTTATAATG	]	TCATCAAC		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa11 TrMDHa11	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa1	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa1	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa1 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa3	•:	AATGTTATAATG	]	TCATCAAC		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa4 TrMDHa5	•:	AATGTTATAATG	]	TCATCAAC		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa5 TrMDHa6	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa6	•:	AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594
TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa9 TrMDHa10 TrMDHa11 TrMDHa11 TrMDHa1 TrMDHa2 TrMDHa3 TrMDHa3 TrMDHa4 TrMDHa5 TrMDHa6 TrMDHa6 TrMDHa7 TrMDHa8		AATGTTATAATG	]	*		*		: - : 599 : - : 594

# 123/241

TrMDHb	:		* AATCNNGAI	20 AANCGCCCANAO	* CATCACACA	40 ACATAACACCT	* TACTCTNCT	60 TTC	:	60
TrMDHb	:	TCTCTNAAC	* 'AAAAACTG'	80 FTCTTCCTCTC	* FTAATCTTC	100 CCTGTTCGATT	* CCTTCCATI	120 TCT	:	120
TrMDHb	:	TCAAAAATG		140 CCCAGTTCGTG	* ITCTCGTC#	160 ACTGGTGCTGCA	* GGGCAAATI	180 GGT	:	180
TrMDHb	:	TATGCACTT		200 GATTGCTAGGG	* GAGTGATGC	220 CTTGGTCCTGAT	* CAACCTGTG	240 SATC	:	240
TrMDHb	:	CTTCACATG		260 TCCTCCAGCAG	* CAGAGTCAT	280 TTGAATGGAGTT	* 'AAGATGGAG	300 STTG	:	300
TrMDHb	:	GTCGATGCT		320 ACTTCTTAAAG	* GTGTTGTT(	340 GCTACAACTGAI	* 'GTTGTTGA <i>F</i>	360 AGCA	:	360
TrMDHb	:	TGCACTGGA		380 TGCAGTCATGG	* TTGGTGGA	400 FTCCCAAGAAA	* .GAAGGTATO	420 GAG	:	420
TrMDHb	:	AGGAAGGAT		440 TAAGAACGTCT	* CTATTTACI	460 AAGTCCCAGGCI	* ` TCTGCCCTT	480 GAA	:	480
TrMDHb	:	AAGCATGCT		500 CTGCAAGGTTT	* TGGTTGTT(	520 GCTAACCCAGCA	* AAACACCAAT	540 IGCA	:	540
TrMDHb	:	TTGATCTTC		560 TGCTCCATCTA	* TTCCAGAG	580 AAAAACATTTCI	* TTGTTTGAC	600 FAGA	:	600
TrMDHb	:	CTTGATCAC	* CAACAGGGC	620 ATTGGGCCAAA	* TTTCTGAA	640 AGATTGAATGT	* CAAGTTTC:	660 IGAT	:	660
TrMDHb	:	GTAAAGAA	* rgtcattai	680 CTGGGGTAATC	* ATTCATCA	700 ACTCAGTATCC	* rgatgtcaa	720 CCAT	:	720
TrMDHb	:	GCAACTGT	* TAACACCCC	740 CGCTGGGGAGA	* AGCCTGTC	760 CGTGAGCTTGT	* FTCTGATGA	780 CGCC	:	780
TrMDHb	:	TGGTTGAA	* IGGAGAATI	800 CATATCTACCG	* TTCAACAA	820 CGTGGTGCTGC	* AATTATTAA	840 GGCT	:	840
TrMDHb	:	AGAAAGCT"	* ITCAAGCGC	860 CACTATCCGCTG	* CTAGCGCT	880 GCTTGCGACCA	* CATTCGCGA	900 TTGG	:	900
TrMDPh		<b>ር</b> ጥጥርጥጥርር:	* &&CTCCCC2	920 AGGGCACCTTCG	* • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	940 GGAGTGTATTC'	* rgatggttc	960 TTAC		960

# FIGURE 58

#### 124/241

* 980 * 1000 * 1020 TrMDHb : AACGTACCAGCTGGACTCATCTATTCATTCCCTGTCACCACTGCTAATGGGGAATGGAAA : 1020

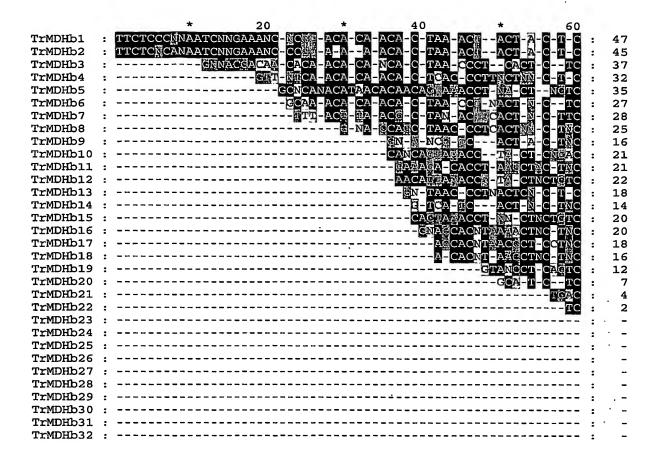
* 1040 * 1060 * 1080

TrMDHb : ATTGTTCAAGGACTTTCAATTGACGAGTTCTCAAGGAAGAAGTTGGACTTGACAGCTGAA : 1080

1100 *

TrMDHb : GAGTTATCCGAGGAAAAGAGTTTGGCATACT : 1111

		* 20 * 40 * 60		
TrMDHb	:	MAKDPVRVLVTGAAGQIGYALVPMIARGVMLGPDQPVILHMLDIPPAAESLNGVKMELVD	:	60
TrMDHb	:	* 80 * 100 * 120 AAFPLLKGVVATTDVVEACTGVNIAVMVGGFPRKEGMERKDVMSKNVSIYKSQASALEKH	:	120
TrMDHb	:	* 140 * 160 * 180 AAANCKVLVVANPANTNALILKEFAPSIPEKNISCLTRLDHNRALGQISERLNVQVSDVK	:	180
TrMDHb	:	* 200 * 220 * 240 NVIIWGNHSSTQYPDVNHATVNTPAGEKPVRELVSDDAWLNGEFISTVQQRGAAIIKARK	:	240
TrMDHb	:	* 260 * 280 * 300 LSSALSAASAACDHIRDWVLGTPQGTFVSMGVYSDGSYNVPAGLIYSFPVTTANGEWKIV	:	300
TrMDHb	:	* 320 OGLSIDEFSRKKLDLTAEELSEEKSLAY: 328		



			*		80		*	100		*	ב	.20		
TrMDHb1	:	TCT			TTCTTCC								:	104
TrMDHb2	:	TCT	AAACA	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT:	<b>FAATCT</b>	TCCCTG'	ГТ ÏGАТ	TCCTI	CCAĞTI	CT	:	102
TrMDHb3	:	TÑĀ			TTCTTCC								:	94
TrMDHb4	:	TCT	: NAACAA										:	91
TrMDHb5	:	TCT	-N-AA-NA	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT	TAATCT	TCCCTG'	TTEGAT	TCCTI	CC-ETI	CT	:	91
TrMDHb6	:	TCT	VAZOA	AAACT	TTCTTC	TCTCT'	PAATCT	TCECEG	TTCGAT	TCCTT	CCGGG1	CT	:	84
TrMDHb7	:	$\mathbf{Z}\mathbf{N}\mathbf{N}$			TTCTT								:	85
TrMDHb8	:	TCT	-NAACAA	AAACT	TTCTTC	TCTCT	<b>FAATCT</b>	TC@C@G	TTCGAT	TCCT1	CCETTI	CT	:	84
TrMDHb9	:	TCN	AACAA	AAACTG	TTCTTCC	CTCT	FAATCT	TCCCTG'	TTCGAI	TCCTI	'CÏATTI	CT	: .	72
TrMDHb10	:	TCT	CA-AAC-A	AAACTG	TCTTCC	TCTCT.	raa-ct	TCCCTG'	TTCGAT	TCCT1	CCACTI	'CT	:	78
TrMDHb11	:	TCT	CTNAAC-A										:	80
TrMDHb12	:				TTCTTCC								:	81
TrMDHb13	:	TCT	-N-AAZNA	AAACT類	TTCTT - 🖟	TCTCT'	TAATCT	TCĞÇĞĞ	TTCĢAT	TCCTI	CCĞTTI	CT	:	75
TrMDHb14	:	TVC	AANAA	AAACTG	TTCTTCC	ACTCT'	TAATCT	TCCCTG'	TTCGAI	TCCTI	'CATTI	CT	:	71
TrMDHb15	:	TCT	CT-AAACA	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT	TAATCT	TCCCTG	ITCGAI	TCCTT	CCACTI	CT	:	79
TrMDHb16	:	TCT	CTNAAC-A	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT:	$\Gamma \overline{N}$ ATCT	TCCCTG'	ГТ∭GАΊ	TCCTT	CC-GTI	'CT	:	78
TrMDHb17	:	TCT	-CAAACAA	AAACTG	TTCTTC-	CTCT	TÄATCT	TCCCTG'	TTCGAI	TCCTI	'CÄÄTTI	CT	:	76
TrMDHb18	:	TCT	CTCAAC-A	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT:	PAATCT	TCCCTG'	TTÄGAT	TCCTT	CC-ĞTI	CT	:	74
TrMDHb19	:	TCT	- ÑNAACAA	ÄAACTG	TTCTTC-	CTCT.	TAATCT	TCCCTG	TTCGAT	TCCTI	'CEATTI	CT	:	70
TrMDHb20	:	TNA			TTCTT - C								:	63
TrMDHb21	:	<b>©CT</b>	CTNAACAA	AAACTG	$\overline{\mathtt{TTCTTCC}}$	TC CT	Γ∯ATCT	TCCCTG'	TTEGAI	TCCTI	CC-ĞTI	'CT	:	63
TrMDHb22	:	TCT	NAACAA	AAACTG	TTCTTC-	CTCT	TØATCT	TCCCTG'	TTCGAT	TCCT1	'CIIATTI	'CT	:	59
TrMDHb23	:		CAA	AAACTG	<b>E</b> TCTTCC	TCTCT'	<b>FØATCT</b>	TCCCTG'	TTCGAT	TCCTI	CC-CTI	'CT	:	51
TrMDHb24	:		A	AAACTG	TTCTTCC	TCTCT:	PNATCT	TCCCTG'	TTCGAT	TCCTI	CC-CTI	CT	:	49
TrMDHb25	:			GNN	TTCTTCC	TCTCT:	I CARCT	TCCCTG'	TTÏGA1	TCCTI	CCAGTI	'CT	:	46
TrMDHb26	:			GG	TTCTTC-	CTCT"	PATNCT	TCCCTG'	TTČGAI	TCCTI	CTATTI	CT	:	44
TrMDHb27	:							TCCCTG'					:	39
TrMDHb28	:												:	-
TrMDHb29	:												:	_
TrMDHb30	:												:	_
TrMDHb31	:					<b></b>							:	_
TrMDHh32														_

		*		140	*	160	*	180		
TrMDHb1	:	TCAAAAATGG	CCAAAGA	CCCAGTTC	GTGTTCTCGT	CACTGGTGC'	TGCAGGGCAA	ATTGGT	:	164
TrMDHb2	:	TCAAAAATGG							-	162
TrMDHb3	:	TCAAAAATGG							-	154
TrMDHb4	:	TCAĞĞAATGG	CCAAAGA	CCCAGTTC	GTGT@CTCGT	ACTGGTGC'	TGCAGGGCAA	ATTGGT	•	151
TrMDHb5	:	TCAAAAATGG							•	151
TrMDHb6	:	TCAGGAATGG							-	144
TrMDHb7	:				GTGTECTCGT				•	145
TrMDHb8	:	TCAEGAATGG							-	144
TrMDHb9	:	TCAAAAATGG					East	_	-	132
TrMDHb10	:	TCAAAAATGG							-	138
TrMDHb11	:	TCAAAAATGG							•	140
TrMDHb12	:	TCAAAAATGG							-	141
TrMDHb13	:	TCAGGAATGG							-	135
TrMDHb14	:	TCAAAAATGG							-	131
TrMDHb15	:	TCAAAAATGG							-	139
TrMDHb16	:	TCAAAAATGG							:	138
TrMDHb17	:	TCAAAAATGG							:	136
TrMDHb18	:	TCAAAAATGG							:	134
TrMDHb19	:	TCAAAAATGG					1.00		:	130
TrMDHb20	:	TCAAAAATGG					1200		:	123
TrMDHb21	:	TCAAAAATGG							:	123
TrMDHb22	:	TCAAAAATGG							:	119
TrMDHb23	:	T-NAAAATGG	CCAAAGA	CCCAGTTC	GTGTTCTCGT	'CACTGGTGC'	TGCAGGGCAA	ATTGGT	:	110
TrMDHb24	:	TCAAAAATGG	CCAAAGA	CCCAGTTC	GTGTTCTCGT	'CACTGGTGC'	TGCAGGGCAA	ATTGGT	:	109
TrMDHb25	:	TCAAAAATGG							:	106
TrMDHb26	:	T-ÑAAAATGG	CCAAAGA	CCCAGTTC	CGTGTTCTCGT	'CACTGGTGC'	TGCAGGĞCAA	ATTGGT	:	103
TrMDHb27	:	TC-AAAATGG	CC-AAGA	CCCAGTTC	GTGTTCTCGT	'CACTGGTGC'	TGCAGGGCAA	ATTGGT	:	97
TrMDHb28	:								:	-
TrMDHb29	:								:	_
TrMDHb30	:								:	-
TrMDHb31	:								:	-
TrMDHh32									•	_

		*	200	*	220	*	240		
TrMDHb1	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTAC	GGGAGTGA:	TGCTTGGTCCTC	GATCAACCT	GTGATC	:	224
TrMDHb2	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	rgcttggtcct(	GATCAACCT	GTGATC	:	222
TrMDHb3	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	egggagtga'	FGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	214
TrMDHb4	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA(	EGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	211
TrMDHb5	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	<b>FGCTTGGTCCT</b>	GATCAACCT	GTGATC	:	211
TrMDHb6	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	204
TrMDHb7	:	TATGCACTTGTCCCT.						:	205
TrMDHb8	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	204
TrMDHb9	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA:	FGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	192
TrMDHb10	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	198
TrMDHb11	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA	IGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	200
TrMDHb12	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	egggagtga'	IGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	201
TrMDHb13	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	195
TrMDHb14	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	191
TrMDHb15	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA	FGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	199
TrMDHb16	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	198
TrMDHb17	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	196
TrMDHb18	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	194
TrMDHb19	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	190
TrMDHb20	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT(	GATCAACCT	GTGATC	:	183
TrMDHb21	:	TATGCACTTGTCCCT.	ATGATTGCTA(	GGGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT(	GATCAACCI	'GTGATC	:	183
TrMDHb22	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCT	GTGATC	:	179
TrMDHb23	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCI	GTGATC	:	170
TrMDHb24	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGGAGTGA'	IGCTTGGTCCT(	GATCAACCI	GTGATC	:	169
TrMDHb25	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT(	GATCAACCI	GTGATC	:	166
TrMDHb26	:	TATACACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCI	GTGATC	:	163
TrMDHb27	:	TATGCACTTGTCCCT	ATGATTGCTA	GGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GATCAACCI	GTGATC	:	157
TrMDHb28	:			GGGGAGTGA'	TGCTTGGTCCT	GAT-ÑACCI	GTGATC	:	34
TrMDHb29	:							:	_
TrMDHb30	:							:	_
TrMDHb31	:							:	_
TrMDHh32								•	-

			*		260		*	280		*		300		
TrMDHb1	:	CTACACA	ATGCTT	GATAT	TCCAC	CCCCCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAAG	ATGGA	GATG	:	284
TrMDHb2	:	CTACAC	ATGCTT	GATAT	TCC CCC	CCGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAAG	ATGGA	GTTG	:	282
TrMDHb3	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	CCTC	CAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAAA	ATGGA	GTTG	:	274
TrMDHb4	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	'gcctc	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	MAATT	ATGGA	GTTG	:	271
TrMDHb5	:					CCAGCAGC							:	271
TrMDHb6	:					CCAGCAGC							:	264
TrMDHb7	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	CCTC	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAA	ATGGA	GTTG	:	265
TrMDHb8	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	CCTC	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAC	AATT	ATGGA	GTTG	:	264
TrMDHb9	:	CTTGAC	ATGCTT	GATAT	TECT	CAGNAGN	AGAGT	JATTGAA	TGGAG	TAA	ATGGA	DTOD.	:	252
TrMDHb10	:					CCEGCAGC							:	258
TrMDHb11	:					CCAGCAGC							:	260
TrMDHb12	:	CT聚CAC	ATGCTT	GATAT	TCC&C	CCGGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAAC	ATGGA	GTTG	:	261
TrMDHb13	:	CTTCAC	ATGCTT	'GATAT	<b>還CCT</b> (	CCÂGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAC	TTAA	ATGGA	GTTG	:	255
TrMDHb14	:	CTTCAC.	ATGCTT	'GATAT	TCCT	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAA	ATGGA	GTTG	:	251
TrMDHb15	:	CTRCAC.	ATGCTT	'GATAT	TCC	CCGGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	TTAAC	ATGGA	GTTG	:	259
TrMDHb16	:	CT&CAC.	ATGCTT	'GATAT	"TCC	CCEGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAG	PAATT	ATGG	GTTG	:	258
TrMDHb17	:					CCAGCAGC							:	256
TrMDHb18	:					CCAGCAGC							:	254
TrMDHb19	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	TCCT	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAA	TGGAC	TTAA	ATGG	AGTTG	:	250
TrMDHb20	:					CCAGCAGC							:	243
TrMDHb21	:					CCAGCAGC							:	243
TrMDHb22	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	TCCT	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGA	TGGAC	AATT	ATGG	GTTG	:	239
TrMDHb23	:	CTACAC	ATGCTT	GATAT	TCC	CCEGCAGO	AGAGT	CATTGA	TGGAC	CAATTE	ATGG	AGTTG	:	230
TrMDHb24	:	CTACAC	ATGCTT	GATAI	CTCC	CCGGCAGC	AGAGT	CATTGA	TGGAC	DAATTE	ATGG	AGTTG	:	229
TrMDHb25	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	TCCT	CAGCAGC	AGAGT	CATTGA	ATGGAC	PARTE	ATGG	AGTTG	:	226
TrMDHb26	:					CCAGCAGC							:	223
TrMDHb27	:	CTTCAC	ATGCTT	GATAT	rtc <u>ii</u> t(	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGA	ATGGAC	PARTIE	ATGG	AGTTG	:	217
TrMDHb28	:	CTT-NC	ATGCT	GATAT	rëcet(	CCAGCAGC	AGAGT	CATTGAZ	ATGGAC	ŞAATTE	ATGGI	AGTTG	:	93
TrMDHb29	:			-NTAT	TCCT	NCNGCAGO	NGAGT	-NTTGAZ	ATGGAC	G-TAAC	BATGG	AGTTG	:	45
TrMDHb30	:			TAI	TCCT	-CCGCAGC	AGAGT	-NTTGA	ATGGAC	TAAC	ATGG	AGTTG	:	43
TrMDHb31	:												:	-
TrMDHh32													:	_

		*	. 3	120	1		340	)		*		360		
TrMDHb1	:	GNCGATGCTG	NATTNNCA	CTTGT	TAAAGG	igangg'	rgct-						:	323
TrMDHb2	:	GTCGATGCTG	CATTTCC	CTTGT	TAAAGG'	IGNTGA	rgŅt#	CAAC	TGAT(	GATG	INGA	GMA	:	342
TrMDHb3	:	GTËGATGCTG											:	334
TrMDHb4	:	GTEGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG	GTTGT"	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG'	TTGA	AGCA	:	331
TrMDHb5	:	GTCGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG	[GTTGT	TGCT	ACAAC	TGAT(	GTTG'	rtgaţ	GCA	:	331
TrMDHb6	:	GTĞGATGCTG											:	324
TrMDHb7	:		CATTTCC										:	325
TrMDHb8	:	GTEGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG	GTTGT	TGCTI	ACAAC	TGAT	GTTG	TTGA	AGCA	:	324
TrMDHb9	:	GOGGATGCTG											:	312
TrMDHb10	:	GTCGATGCTG											:	318
TrMDHb11	:	GTCGATGCTG											:	320
TrMDHb12	:	GTCGATGCTG											:	321
TrMDHb13	:	GTGGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG	GTTGT'	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG'	ITGA.	AGCA	:	315
TrMDHb14	:	GTEGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG'	IGTTGT'	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG'	TTGA	AGCA	:	311
TrMDHb15	:	GTCGATGCTG											:	319
TrMDHb16	:	GTCGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG'	rgttgt'	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG'	rtga,	<b>GCA</b>	:	318
TrMDHb17	:	GTEGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	TAAAGG'	IGTTGT	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG'	TTGA	AGCA	:	316
TrMDHb18	:	GTCGATGCTG											:	314
TrMDHb19	:	GTEGATGCTG											:	310
TrMDHb20	:	GTEGATGCTC											:	303
TrMDHb21	:	GTCGATGCTC											:	303
TrMDHb22	:	GTËGATGCTG	CATTTCC	ACTTCI	'TAAAGG'	IGTTGT	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG	TTGA	AGCA	:	299
TrMDHb23	:	GTCGATGCTC											:	290
TrMDHb24	:	GTCGATGCTG											:	289
TrMDHb25	:	GTCGATGCTC											:	286
TrMDHb26	:	GTËGATGCTC	CATTTCC	ACTTCI	TAAAGG	TGTTGT	TGCT	ACAAC	TGAT	GTTG	TTGA	AGCA	:	283
TrMDHb27	:	GTCGATGCTG	CATTTCC	ACTTCT	'TAAAGG'	TGTTGT	TGCT	ACAAC	CTGAT	GTTG	TTGA	GGCA	:	277
TrMDHb28	:	GTGGATGCTC	CATTTCC	ACTTCT	'TAAAGG	CATTGT	TGCT	ACAAC	CTGAT	GTTG	TTGA	AGCA	:	153
TrMDHb29	:	GTCGATGCTC	CATTTCC	ACTTCI	TAAAGG	TGTTGT	TGCT	ACAAC	CTGAT	GTTG	TTGA	GGCA	:	105
TrMDHb30	:	GTCGATGCTC	CATTTCC	-CTTCT	'TAAAGG	TGTTGT	TGCT.	ACAAC	CTGAT	GTTG	TTGA	GGCA	:	102
TrMDHb31	:												:	-
TrMDHb32	:								·				:	-

		*	380	*	400	*	420		
TrMDHb1	:							:	-
TrMDHb2	:	TNNNCTGG						:	350
TrMDHb3	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCAT	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	CATGGAG	:	394
TrMDHb4	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATO	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAG	:	391
TrMDHb5	:		AATATTGCAGTCATO					:	391
TrMDHb6	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	TATGGAG	:	384
TrMDHb7	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	TATGGAG	:	385
TrMDHb8	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG'	IGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAG	:	384
TrMDHb9	:	TGCCCTGCA-CC	ATATNECNN					:	.333
TrMDHb10	:	TGCACTGGAGTC	AATAT@GCAGTCATC	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAN	:	378
TrMDHb11	:		AATATTGCAGTCATC					:	380
TrMDHb12	:	TGCACTGGAGTC	AATAT@GCAGTCATO	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	381
TrMDHb13	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG	IGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	375
TrMDHb14	:		AATATTGCAGTCATC					:	371
TrMDHb15	:	TGCACTGGAGTC	AATAT@GCAGTCATG	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	379
TrMDHb16	:	TGCACTGGAGTC	AATATEGCAGTCATC	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA.	AAAGAAGGT	CATGGAG	:	378
TrMDHb17	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATG	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAG	:	376
TrMDHb18	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG'	IGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAG	:	374
TrMDHb19	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATG	GTTGG'	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGI	ATGGAG	:	370
TrMDHb20	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATO	GTTGG	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	NTGGAG	:	363
TrMDHb21	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATC	GTTGG	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	363
TrMDHb22	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCÀTG	GTTGG:	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	359
TrMDHb23	:	TGCACTGGAGTC	AATAT@GCAGTCATG	GTTGG	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	350
TrMDHb24	:		AATAT#GCAGTCATG					:	349
TrMDHb25	:		AATATTGCAGTCAT					:	346
TrMDHb26	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCAT	GTTGG	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	343
TrMDHb27	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCAT	GTTGG	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	337
TrMDHb28	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATG	GTTGG:	TGGATTCCCAAGA	AAAGAAGGT	ATGGAG	:	213
TrMDHb29	:	TGCACTGGAGTC	AATATTGCAGTCATG	GTTGG:	rggattcccaaga:	AAAGAAGGT	ATGGAG		165
TrMDHb30	:		AATATTGCAGTCATG					:	162
TrMDHb31	:						GGAG	:	4
TrMDHb32	:						MUME		4

			*	440	*	460	*	480		
TrMDHb1	:								:	-
TrMDHb2	:								:	· -
TrMDHb3	:	AGGAAGG	ATGTGATGA	CTAAGAATGTCTC	CTATTTAC	AAGTCCCAGGC	CTTCTGCCCT	'TGAA	:	454
TrMDHb4	:	AGGAAGG	ATGTGATG	CTAAGAAÍÍGTCTC	CTATTTAC	AAGTCCCAGGC	TTCTGCCCT	TGAA	:	451
TrMDHb5	:	AGGAAGG	ATGTGATGT	CTAAGAACGTCTC	CTATTTAC.	AAGTCCCAGGC	TTCTGCCCT	TGAA	:	451
TrMDHb6				CTAAGAAÄGTCTC					:	444
TrMDHb7	:	AGGAAGG	ATGTGATG	CTAAGAALGTCTC	CTATTTAC	AAGTCCCAGGC	CTTCAGCCCT	TGAA	:	445
TrMDHb8	:	AGGAAGG	ATGTGATGA	CTAAGAAÄGTCTO	CTATTTAC	AAGTCCCAGGC	CTTCTGCCCT	TGAA	:	444
TrMDHb9	:								:	~
TrMDHb10	:	AGGAAGG	ATGTJATGT	CTAAGAACGTCTC	CTATTTAC	AAGTCCCAÄGC	TTCTGCCCT	TGAA	:	438
TrMDHb11				CTAAGAACGTCTC					:	440
TrMDHb12	:	AGGAAGG	ATGTÄATGT	CTAAGAACGTCTC	CTATTTAC	AAGTCCCA <mark>A</mark> GC	TTCTGCCCT	TGAA	:	441
TrMDHb13				CTAAGAAJJGTCTC					:	435
TrMDHb14				CTAAMAAMGTCTC					:	431
TrMDHb15	:	AGGAAGG	ATGTTATGT	CTAAGAACGTCTC	TATTTAC	AAGTCCCAÄGC	TTCTGCCCT	TGAA	:	439
TrMDHb16	:	AGGAAGG <i>i</i>	ATGTTATGT	CTAAGAACGTCTC	CTATTTAC.	AAGTCCCA <u>X</u> GC	TTCTGCCCT	TGAA	:	438
TrMDHb17				CTAAGAAÜGTCTC					:	436
TrMDHb18				CTAAGAACGTCTC					:	434
TrMDHb19				CTAAGAAÄGTCTC					:	430
TrMDHb20				CTAAGAMIGTCTC					:	423
TrMDHb21				CTAAGAACGTCTC					:	423
TrMDHb22				CTAAGAATGTCTC					:	419
TrMDHb23				CTAAGAACGTCTC					:	410
TrMDHb24 ·				CTAAGAACGTCTC					:	409
TrMDHb25				CTAAGAACGTCTC					:	406
TrMDHb26				CTAAGAAZGTCTC					:	403
TrMDHb27				CTAAGAACGTCTC					:	397
TrMDHb28	:	AGGAAGG	ATGTGATG <u>\$</u>	CTAAGAAGGTCTC	TATTTAC	AAGTCCCAGGC	TTCTGCCCT	TGAA.	:	273
TrMDHb29				CTAAGAACGTCTC					:	225
TrMDHb30				CTAAGAACGTCTC					:	222
TrMDHb31				CTAAGAACGTCTC					:	64
TrMDHb32	:	ŅŅĠŅAŅĠ	NGTGATGT	CTAAÑAACGTCTC	TATTTAC	AAGTCCCAGGC	TTCTGCCCT	TGAA	:	64

			*	500	*	520	*	540		
TrMDHb1	:								:	_
TrMDHb2	:								:	-
TrMDHb3	:	AAGCATGC	TGCTGCC	AACTGCAAGGTTT	TGGTTAT1	<b>IGCTAACCCAG</b>	CAAATACCA	ATGCA	:	514
TrMDHb4	:			\ACTGCAAGGTT1					:	511
TrMDHb5	:			\ACTGCAAGG\̈́TT					:	510
TrMDHb6	:	AAGCATGC	TGCTGCC	ACTGCAAGGTT1	TGGTTAT	TGCTAACCCAG	CAAAIJACCA	ATGCA	:	504
TrMDHb7	:			ACTGCAAGGTT'I					:	505
TrMDHb8	:	AAGCATGC	TGCTGCC	ACTGCAAGGTTI	TGGTTAT	rgctaacccag	CAAATACCA	ATGCA	:	504
TrMDHb9	:								:	_
TrMDHb10	:	AAGCATGC	TGCTGCCF	ACTGCAAGGTTI	TGGTTGTT	rgctaacccag	CAAACACCA	ATGCA	:	498
TrMDHb11	:			AACTGCAAGGTT1					:	499
TrMDHb12	:	AAGCATGC	FGCTGCC	\ACTGCAAGGTT'I	TGGTTGT	rgctaacccag	CAAACACCA	ATGCA	:	501
TrMDHb13	:			ACTGCAAGGTTI		rgctaacccag	CAAATACCA	ATGCA	:	495
TrMDHb14	:			ACTGCAAGGTT1					:	462
TrMDHb15	:			ACTGCAAGGTTI					:	499
TrMDHb16	:	AAGCATGC	rgctgcc <i>p</i>	\ACTGCAAGG <u>T</u> TT	TGGTTGTT	rgctaacccag	CAAACACCA	ATGCA	:	498
TrMDHb17	:	AAGCATGC	IGCTGCC#	ACTGCAAGGÑTI	TGGGTATI	rgctaacccañ	C <u>A</u> AA[]ACCA/	ATGCA	:	496
TrMDHb18	:	AAGCATGC	IGCTGCC	ACTGCAAGGTT1	TGGTTGTT	rgctaacccag	C-AACACCA	ATGCA	:	493
TrMDHb19	:			ACTGCAAGGTTT	TGGTTÄT1	rgctaacccag	CAAATACCA	ATGCA	:	490
TrMDHb20	:	AAAGATNO							:	433
TrMDHb21	:			AACTGCAAGGTTI					:	483
TrMDHb22	:			ACTGCAAGGTT1					:	479
TrMDHb23	:			ACTGCAAGGTTT					:	470
TrMDHb24	:			ACTGCAAGGTTI					:	469
TrMDHb25	:			ACTGCAAGGTTI					:	466
TrMDHb26	:			ACTGCAAGGTTI					:	463
TrMDHb27	:			ACTGCAAGGTTI					:	457
TrMDHb28	:			ACTGCAAGGTTI					:	333
TrMDHb29	:			ACTGCAAGGTTI					:	285
TrMDHb30	:			ACTGCAAGGTTI					:	282
TrMDHb31	:			ACTGCAAGGTTT					:	124
TrMDHb32	:	AAGCATGC	IGCTGCC	ACTGCAAGGTTI	TGGTTGTT	GCTAACCCAG	CAAACACCA	ATGCA	:	124

			*	560	*	580	*	600		
TrMDHb1	:								:	-
TrMDHb2	:								:	-
TrMDHb3	:						TTCAGGTTTGA		:	574
TrMDHb4	:	TTGATCTT	rgaagga	TTTGCTCCA	TCTATTCCAGA	GAAAAACAT	TTCÄĞĞTTTGA	CTAGA	:	571
TrMDHb5	:	TTGATCTT		The second secon					:	531
TrMDHb6	:						TTCAGGTTTGA		:	564
TrMDHb7	:		Tet	<u> </u>			TTCAGGTTTGA	_	:	565
TrMDHb8	:	TTGATCTT	rgaagga	TTTGCTCCA	TCTATTCCAGA	GAAAAACAT	TTCAGGTTTGA	CTAGA	:	564
TrMDHb9	:								:	
TrMDHb10	:						TTCTTGTTNGA		:	558
TrMDHb11	:						TTCTTGTTTGA	_	:	559
TrMDHb12	:						TTCTTGTTTGA	_	:	561
TrMDHb13	:	TTGATCT	rgaaggag	TTTGCTCC	ATCTATTCCAGA	AGAAAAACAT	TTCÄGÜTTTGA	CTAGA	:	555
TrMDHb14	:								:	-
TrMDHb15	:						TTCTTGTTTGA		:	559
TrMDHb16	:						TTCTTGTTTGA	CTAGA	:	558
TrMDHb17	:						TTCANGTTTG-		:	550
TrMDHb18	:						TTCTTGTTTGA	_	:	553
TrMDHb19	:	TIGATCT	rgaagga©	TTTGCTCC	ATCTATTCCAGA	AGAAAAACAT	TTCÁĞÇTTTGA	CTAGA	.:	550
TrMDHb20	:								:	-
TrMDHb21	:						TTCTTGTTTGA		:	543
TrMDHb22	:						TTCAGGTTTGA		:	539
TrMDHb23	:						TTCTTGTTTGA		:	530
TrMDHb24	:						TTCTTGTTTGA		:	529
TrMDHb25	:						TTCTTGTTTGA		:	526
TrMDHb26	:						TTCAGCTTTGA		:	523
TrMDHb27	:						TTCTTGTTTGA		:	517
TrMDHb28	:						TTCÄĞĞTTTGA		:	393
TrMDHb29	:						TTCTTGTTTGA	_	:	345
TrMDHb30	:						TTCTTGTTTGA	_	:	342
TrMDHb31	:						TTCTTGTTTGA		•:	184
TrMDHb32	:	TTGATCT"	TGAAGGAA	ATTTGCTCC	ATCTATTCCAGA	AGAAAAACAT	TTCTTGTTTGA	CTAGA	:	184

			*	620	*	640	* 66	50	
TrMDHb1	:							:	-
TrMDHb2	:							:	-
TrMDHb3	:	CTTGATC	ACAA					:	585
TrMDHb4	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGG				:	593
TrMDHb5	:							:	-
TrMDHb6	:	CTTGATC	AC					:	573
TrMDHb7	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAAT	TTCTGAAA	<u> </u>		:	603
TrMDHb8	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAA1	"TTCT			· :	597
TrMDHb9	:							:	-
TrMDHb10	:	CTTGATC	AC					:	567
TrMDHb11	:	CTTGATC	ACC					:	569
TrMDHb12	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAAT	TT			:	592
TrMDHb13	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAAI	<b>T</b>			:	585
TrMDHb14	:		<del></del>					:	-
TrMDHb15	:	CTTGATC						:	573
TrMDHb16	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAAT	TTCTGAAA	GATTGAAT		:	603
TrMDHb17	:							~ <b>-</b> ' :	-
TrMDHb18	:			CATTGGGCCAAAI	TTCTGAAA	G		:	591
TrMDHb19	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTG				:	571
TrMDHb20	:							- <b>-</b> :	-
TrMDHb21	:			CATTGGGCCAAA1				<u></u> :	585
TrMDHb22	:			CATTGGGCCAAA1			CAAGTTTCTGA	$\Lambda T$ :	.599
TrMDHb23	:	/		CATTGGGCCAAAT		G		:	568
TrMDHb24	:			CATTGGGCCAAA1				· <u>-</u> :	558
TrMDHb25	:	2.34		CATTGGGCCAAAI					-586
TrMDHb26	:			CATTGGGCCAAAT		4		<b>Σ</b> Γ :	583
TrMDHb27	:			CATTGGGCCAAAI			and the same of th	:	573
TrMDHb28	:			CATTGGGCCAAA1					453
TrMDHb29	:			CATTGIÏGCCAAAI					405
TrMDHb30	:			CATTGGGCCAAA1		S. Sei		_	402
TrMDHb31	:			CATTGGGCCAAA1					244
TrMDHb32	:	CTTGATC	ACAACAGGG	CATTGGGCCAAA1	TTCTGAAA	GATTGAATGTTC	CAAGTTTCTG	<b>Y</b> :	244

		* 680	*	700	*	720
TrMDHb1	:					: -
TrMDHb2	:					•
TrMDHb3	:					•
TrMDHb4	:					•
TrMDHb5	:					
TrMDHb6	:					•
TrMDHb7	:					•
TrMDHb8	:					
TrMDHb9	:					•
TrMDHb10	:					•
TrMDHb11	:					
TrMDHb12	:					
TrMDHb13	:					
TrMDHb14	:					•
TrMDHb15	:					: '
TrMDHb16	٠:					: -
TrMDHb17	:					•
TrMDHb18	:					•
TrMDHb19	.:					
TrMDHb20	:					
TrMDHb21	:					
TrMDHb22	:	GTAAAGAATGT				: 610
TrMDHb23	٠:					: -
TrMDHb24	:					: -
TrMDHb25	:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGGGTAAT	CATTCAT	CAACTCAGTA'	TCCTGATGTCA	ACCAT : 646
TrMDHb26	•:					
TrMDHb27	:					: -
TrMDHb28	:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGGGTAAT				
TrMDHb29	٠:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGÄGTAAT	CATTCAT	CAACTCAGĞA'	TCCTGATGTCA	ACCAT : 465
TrMDHb30	:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGGGTAAT	CATTCAT	CAACTCAGTA	TCCTGATGTCA	ACCAT: 462
TrMDHb31	:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGGGTAAT	CATTCAT	CAACTCAGTA'	TCCTGATGTCA	ACCAT : 304
TrMDHb32	:	GTAAAGAATGTCATTATCTGGGGTAAT	CATTCAT	CAACTCAGTA'	TCCTGATGTCA	ACCAT: 304

		*	740	*	760	*	780	
TrMDHb1	:							
TrMDHb2	:							
TrMDHb3	:							
TrMDHb4	:					<b></b>	•	
TrMDHb5	:							
TrMDHb6	:						•	
TrMDHb7	:							
TrMDHb8	:				<b></b>		•	
TrMDHb9	:						:	
TrMDHb10	:						·	
TrMDHb11	:						:	
TrMDHb12	:						•	
TrMDHb13	:						·	
TrMDHb14	:							
TrMDHb15	:						:	
TrMDHb16	:						:	
TrMDHb17	:						:	
TrMDHb18	:						·	_
TrMDHb19	:					. <b></b>		
TrMDHb20	:						:	_
TrMDHb21	:						:	
TrMDHb22	:						:	
TrMDHb23	:						:	_
TrMDHb24	:						:	
TrMDHb25	:	GCAACTGTTAACACCCC	CGCTGGGGAGAA	GCCTGTCC	GTGAGCTTGTTT	CTGATGAC	ecc :	.706
TrMDHb26	:							,00
TrMDHb27	:						:	_
TrMDHb28	:	GCAACTGTTAACACCCC	CGCCGGGGAGAA	GCCTGTCC	GTGAACTTGTTT		· ·	562
TrMDHb29	:	GCAACTGTTAACACCCN	CGCTGNNGAGAA	GCCTGNCC	GTGAGCTÑGTTT	6	:	515
TrMDHb30	:	GCAACTGTTAACACCCC	'CGCTGGGGAGAA	GCCTGTCC	GTGAGCTTGTTT	CTCATCACC	CC .	.522
TrMDHb31	:	GCAACTGTTAACACCCC	CGCTGGGGAGAA	GCCTGTCC	GTGAGCTTGTTT	CTGATGAC	300	364
TrMDHb32	:	GCAACTGTTAACACCCC	CGCTGGGGAGAA	GCCTGTCC	GTGAGCTTGTTT	CTGATGACC	:CC	364

				*	820	*	840		
TrMDHb1	:								_
TrMDHb2	:							:	_
TrMDHb3	:					~		:	_
TrMDHb4	:			<b></b>				:	_
TrMDHb5	:							:	_
TrMDHb6	:							:	_
TrMDHb7	:							:	_
TrMDHb8	:							:	_
TrMDHb9	:							:	_
TrMDHb10	:								_
TrMDHb11	:							:	_
TrMDHb12	:			<b></b>				•	_
TrMDHb13	:							•	_
TrMDHb14	:							•	_
TrMDHb15	:								_
TrMDHb16	:								_
TrMDHb17	:							•	_
TrMDHb18	:								_
TrMDHb19	:				<b></b>				
TrMDHb20	:							•	_
TrMDHb21	:				~				
TrMDHb22	:							•	_
TrMDHb23	:							•	_
TrMDHb24	:						:		_
TrMDHb25	:	TGGTTGAATGGAGAATTC	ATATCTACCGTT	CAACAAC	STECTOCTO				- 752
TrMDHb26	:							•	52
TrMDHb27	:						:		-
TrMDHb28	:						:	;	-
TrMDHb29	:						:		
TrMDHb30	:	TGGTTGAATGGAGAATTC.	ATATCTACCGTT	CAACAAC	STECTECTEC A	PTATTA ACC	200	_	
TrMDHb31	:	TGGTTGAATGGAGAATTC	ATATCTACCGTT	CAACAAC	TGGTGCTGCAA.	rtaliaag(	3C1 :	_	82
TrMDHb32	:	TGGTTGAATGGAGAATTC	ATATCTACCGTT	'CAACAAC	TGGTGCTGCAA.	TATIAAG(	CT:		24

		* 860	*	880	*	900		
TrMDHb1	:						:	-
TrMDHb2	:						:	-
TrMDHb3	:						:	_
TrMDHb4	:						:	-
TrMDHb5	:			<b></b>			:	-
TrMDHb6	:						:	-
TrMDHb7	:						:	
TrMDHb8	:						:	-
TrMDHb9	:						:	_
TrMDHb10	:						:	-
TrMDHb11	:						:	-
TrMDHb12	:						:	-
TrMDHb13	:						:	_
TrMDHb14	:						:	-
TrMDHb15	:						:	,
TrMDHb16	:						:	-
TrMDHb17	:						:	-
TrMDHb18	:						:	-
TrMDHb19	:						:	-
TrMDHb20	:						:	-
TrMDHb21	:						:	-
TrMDHb22	:						:	-
TrMDHb23	:						:	-
TrMDHb24	:						:	-
TrMDHb25	:						<b>:</b> ·	_
TrMDHb26	:		- <b>-</b>				:	_
TrMDHb27	:						:	-
TrMDHb28	:						:	-
TrMDHb29	:						:	_
TrMDHb30	:	AGAAAGCTTTCAAGTG					:	598
TrMDHb31	:	AGAAAGCTTTCAAGCGCACTATCCG	CTGCTAGC	GCTGCTTGCGAC	CACATTCGC	GATTGG	:	484
TrMDHb32	:	AGAAAGCTTTCAAGCGCACTATCCG	CTGCTAGC	GCTGCTTGCGAC	CACATTCGC	GATTGG	•	484

PCT/AU2004/000493

		*	920	*	940	*	960	
TrMDHb1	:							: -
TrMDHb2	:		- <b></b>					: -
TrMDHb3	:							· • -
TrMDHb4	:							
TrMDHb5	:							
TrMDHb6	:							: _
TrMDHb7	:							: _
TrMDHb8	:							: _
TrMDHb9	:							: _
TrMDHb10	:							
TrMDHb11	:							: _
TrMDHb12	:							: _
TrMDHb13	:							• -
TrMDHb14	:							: -
TrMDHb15	:							: _
TrMDHb16	:							• •
TrMDHb17	:							
TrMDHb18	:							
TrMDHb19	:							
TrMDHb20	:							· • –
TrMDHb21	:							•
TrMDHb22	:							· -
TrMDHb23	:							
TrMDHb24	:							· -
TrMDHb25	:							
TrMDHb26	:						- <b>-</b> -	
TrMDHb27	:							• _
TrMDHb28	:						. <u>-</u> -	
TrMDHb29	:							
TrMDHb30	:							
TrMDHb31	:	GTTCTTGGAACTCCCCA	GGGCACCTTCGT	TTCAATGG	GAGTGTATTCTG	ATGGTTCTT	PAC	: 544
TrMDHb32	:	GTTCTTGGAACTCCCCA	GGGCACCTTCGT	TTCAATGG	GAGTGTATTCTG	ATGGTTCTT	AC	544

			*	980	*	1000	*	1020		
TrMDHb1	:								:	-
TrMDHb2	:								:	-
TrMDHb3	:								:	-
TrMDHb4	:								:	-
TrMDHb5	:								:	-
TrMDHb6	:		. <b></b>						:	-
TrMDHb7	:								:	-
TrMDHb8	:								:	_
TrMDHb9	:				-				:	-
TrMDHb10	:								:	-
TrMDHb11	:								:	_
TrMDHb12	:								:	-
TrMDHb13	:								:	٠ ـ
TrMDHb14	:								:	-
TrMDHb15	:								:	_
TrMDHb16	:								:	-
TrMDHb17	:		– – – – .						:	
TrMDHb18	:								:	-
TrMDHb19	:								:	_
TrMDHb20	:								:	-
TrMDHb21	:				<del>-</del>				:	_
TrMDHb22	:								:	-
TrMDHb23	:								:	-
TrMDHb24	:								:	_
TrMDHb25	٠:								:	-
TrMDHb26	:								:	-
TrMDHb27	:								:	-
TrMDHb28	:								:	_
TrMDHb29	:								:	-
TrMDHb30	:								:	_
TrMDHb31	:	AACGTAC	CAGCTGGAC	CATCTATTCATT	CCCTGT	CACCACTGCTAAT	GGGGAAT	GGAA-	:	603
TrMDHb32	•	AACGTAC	CAGCTGGAC	CATCTATTCATT	CCCTGT	CACCACTGCTAAT	GGGGAAT	GGAAA	:	604

			*	1040	*	1060	*	1080		
TrMDHb1	:								:	_
TrMDHb2	:								:	_
TrMDHb3	:								:	_
TrMDHb4	:								:	_
TrMDHb5	:								:	_
TrMDHb6	:								:	_
TrMDHb7	:								:	_
TrMDHb8	:								:	-
TrMDHb9	:								:	_
TrMDHb10	:								:	
TrMDHb11	:								:	_
TrMDHb12	:								:	_
TrMDHb13	:								:	_
TrMDHb14	:								:	_
TrMDHb15	:								:	_
TrMDHb16	:								:	_
TrMDHb17	:								:	_
TrMDHb18	:						· <b></b>		:	_
TrMDHb19	:								:	<b>-</b> .
TrMDHb20	:								:	_
TrMDHb21	:								:	_
TrMDHb22	:								:	_
TrMDHb23	:								:	_
TrMDHb24	:						. <b></b> .		:	_
TrMDHb25	:								:	_
TrMDHb26	:								:	_
TrMDHb27	:								:	
TrMDHb28	:								•	_
TrMDHb29	:								:	_
TrMDHb30	:								:	_
TrMDHb31	:								:	-
TrMDHb32	:	ATTGTTCA	AGGACTTI	CAATTGACGAGTT	CTCAAGG	AAGAAGTTGGACT	TGACAGO	TGAA	:	664

		* 1100 *		
TrMDHb1	:		:	-
TrMDHb2	:		:	-
TrMDHb3	:		:	-
TrMDHb4	:		:	-
TrMDHb5	:		:	-
TrMDHb6	:		:	-
TrMDHb7	:		:	_
TrMDHb8	:		:	-
TrMDHb9	:		:	-
TrMDHb10	:		:	-
TrMDHb11	:		:	-
TrMDHb12	:		:	-
TrMDHb13	:		:	-
TrMDHbl4	:		:	-
TrMDHb15	:		:	-
TrMDHb16	:		:	-
TrMDHb17	:		:	-
TrMDHb18	:		:	_
TrMDHb19	:		:	_
TrMDHb20	:		:	_
TrMDHb21	:		:	-
TrMDHb22	:		:	_
TrMDHb23	:		:	-
TrMDHb24	:		:	-
TrMDHb25	:		:	-
TrMDHb26	:		:	-
TrMDHb27	:		:	-
TrMDHb28	:		:	-
TrMDHb29	:		:	_
TrMDHb30	:		:	-
TrMDHb31	:		:	-
TrMDHb32	:	GAGTTATCCGAGGAAAAGAGTTTGGCATACT	:	695

#### 145/241

TrMDHc	:	* 20 AAAGNGAATTGGAATATACGA	* ACACTCCATTCCA	40 TACTICCATTCCN	* TACTTTGCTTT	60 CTC	:	60
TrMDHc	:	* 80 GCTCTCTCTCTTTATTCTC	* GAAAAGCTTTT	100 CAGCCAACAACGG	* AGAGAATTATO	120 BAGG	:	120
TrMDHc	:	* 140 CCGTCGATGCTCAGATCCGTC	* CCAATCAGCCGTC	160 TCCCGCGCCTCTT	* CTCACCTAAC	180 CCGC	:	180
TrMDHc	:	* 200 CGTGGCTATGCTACCGAACCA	* AGTTCCAGAACGC	220 AAGGTGGCCATTC	* TCGGCGCTGC	240 CGGC	:	240
TrMDHc	:	* 260 GGGATCGGCCAGCCTCTCTCT	* CTTCTCATGAAG	280 CTCAACCCTCTCG	* TTTCAACCCT!	300 ATCT	:	300
TrMDHc	:	* 320 CTTTATGATATTGCTGGAACC	* CCTGGTGTCGCC	340 GCTGATGTCAGCC	* ACATCAACTC	360 CAGA	:	360
TrMDHc	:	* 380 TCTGAGGTAACTGGGTATGCA	* AGGTGAAGAAGAG	400 CTTGGAAAAGCTT	* TGGAGGGTGCT	420 GAT	:	420
TrMDHc	:	* 440 GTTGTTATAATTCCTGCTGGT	* CGTGCCCAGAAAG	460 CCTGGAATGACTC	* GTGATGATCT	480 CTTC	:	480
ТтМДНс	:	* 500 AATATTAACGCTGGCATTGTC	* PAAGTCACTTGCC	520 ACTGCTATTCTA	* AGTACTGCCC	540 CCAT	:	540
TrMDHc	:	* 560 GCCCTTGTTAACATGATAAGC	* CAACCCTGTGAAC	580 TCCACCGTTCCCA	* TTGCTGCAGA(	600 GTT	:	600
TrMDHc	:	* 620 TTCAAGAAGGCAGGGACATAT	* GACGAGAAGAGA	640 TTGTTTGGGGTTA	* CAACCCTTGA	660 IGTA	:	660
TrMDHc	:	* 680 GTCAGGGCAAAAACTTTCTAT	* CGCCGGGAAAGCT	700 'AAAGTTCCAGTTG	* CCGAGGTCAA	720 IGTA	:	720
TrMDHc	:	* 740 CCTGTTATAGGAGGCCATGCA	* AGGAGTTACTATT	760 CTTCCATTATTT	* NTCAGGCAAC	780 ACCT	:	780
TrMDHc	:	* 800 CAAGCCAATCTGGGTGATGAT	* CACCCTTAAGGNT	820 TTAACGGNANGGA	* CACAAGATGG!	840 AGGA	:	840
TrMDHc	:	* 860 ACAGAAGTTGNGACCGCCAAG	* GGCTGGAAAGGGI	880 TCTGCAACTTTGT	* CAATGGCTTAT	900 IGCT	:	900
TrMDHc	:	* 920 GGAGCCATATTTGCTGATGCT	* :NGCCTCAAAGGN	940 CTGAATGGAGTTC	* CAGATGTTATT	960 BAD1	:	960

# FIGURE 61

PCT/AU2004/000493 WO 2004/089066

		*	980	*	1000	*	1020		
TrMDHc	:	TGCTCATATGT	GCAATCCAATAI	CATCTCTGAC	CTTCCTTTCT	PTGCTTCCAAG	GTGAGG	:	1020
		*	1040	*	1060	*	1080		
TrMDHc	:	ATTGGGAAGAA	TGGTGTGGAAGA	AATTCTGGGC1	TAGGTTCTC:	CACAGATTTC	GAGCAA	:	1080
		*	1100	*	1120	*	1140		
TrMDHc	:	CAAGGCCTTGA	AAACCTCAAGGC	TGAACTCAAAT	CATCTATTG	AAAAGGGAATC	AAATTT	:	1140
•		*	1160	*	1180	*	1200		
TrMDHc	:	GCCTCCCAGTA	ATCGAACATGTC	ATACATTACTO	GATTTTTCC	ATTTAGAACCA(	GATCAA	:	1200
		*	1220	*	1240	*	1260		
TrMDHc	:	ATTTTGCAAAI	TCAGAACAATTO	TTTGTAATGT	GCCGGTAGG	PATACCCCTAG	AATTTAA	:	1260
		*	1280	*	1300	*	1320		
TrMDHc	:	TAAGTAAATCI	GCGAGAGCAGTI	TATTGCTGCAC	GGACTGAAA	TTAAAACCAGT'	ITTAGG	:	1320
		*	1340	*	1360	*	1380		
TrMDHc	:	TTGGCCTTTCC	CATTCGTAATGGC	CCTTCATTGT	rgcatgnttt(	CATATAATGCA	ATTGAA	:	1380
		*	1400						
TrMDHC		CCCTCNTCCNC	''ልእነሮር'ል ጥልሮልሮል እ	ICCCCC • 14(	18				

		*	20	*	40	*	60		
TrMDHc	:	MRPSMLRSVQSAV	/SRASSHLTRRGY	ATEPVPERK	VAILGAAGGI	GQPLSLLMKL	NPLVST	:	60
		*	80	*	100	*	120		
rmdhc	:	LSLYDIAGTPGVA	ADVSHINSRSEV	TGYAGEEEL	GKALEGADVV	IIPAGVPRKP	GMTRDD	:	120
		*	140	*	160	*	180		
TrMDHc	:	LFNINAGIVKSLA	TAISKYCPHALV	NMISNPVNS'	TVPIAAEVFK	KAGTYDEKRLI		:	180
		*	. 200	*	220	*	240		
rmDHc	:	DVVRAKTFYAGKA		GGHAGVTIL		NLGDDTLKXL'		: :	240
							~		
•		*	260		280		200		
TrMDHc	:	GGTEVXTAKAGKG		FADAXLKXL		VVOSNITSDIJ	300 PFFASK		300
								•	
		*	320		2.1.0				
				<b>~</b>	340				
CrMDHc	:	VRIGKNGVEEILG	LGSLTDFEQQGL	ENLKAELKS:	SIEKGIKFAS	0:345			

m-10077 1		* 20 * 40 * 60  AAAGNGAATTGGAATKT CGAC CTCCATTCCNTACT SHATT CATGCT CTCTCTCT		60
TrMDHc1	:	AAAGNGAATTGGAATATACNCCACTCCATTCCNTACT-BBATTBCETBCETGGCTGTCTCTCTCTCT	•	59
TrMDHc2	:		:	42
TrMDHc3	:		:	30
TrMDHc4	:		•	27
TrMDHc5	:		:	
TrMDHc6	:		:	27
TrMDHc7	:		:	27
TrMDHc8	:	T CCATTCONTACTTN TTTAT TWICE	:	27
TrMDHc9	:	TCCATTCCNTACTET_ATTTNTCGCT	:	25
TrMDHc10	:	TCC-TTCCATTCATTCATCGCT	:	25
TrMDHc11	:		:	-
TrMDHc12	:		:	-
TrMDHc13	:		:	_
TrMDHc14	:		:	-
TrMDHc15	:		:	-
TrMDHc16	:		:	-
TrMDHc17	:		·:	-
		•		
		* 80 * 100 * 120		
TrMDHc1	:	CTCTCTCTCTTTATTCTCGAAAAGCTTGTTCAGCCAACAACG-AGAGAATAATGAGGCCGTCG	:	122
TrMDHc2	:	CTCTCTCT_T_TATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAACAACG_AGAGAATAATGAGGCCGTCG	:	119
TrMDHc3	:	CTCTCTCT[[TTTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAT]CAACGGAGAAATTATGAGT]CCGTCG	:	105
TrMDHc4	:	CTCTCTCTCTCTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCC-ACAACG-AGAGAATAATGAGGCCGTCG	:	91
TrMDHc5	:	CTCTCTCTTTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAACAACGGAGAAATTATGAGGCCGTCG	:	88
TrMDHc6	:	CTCTCTC <mark></mark> TTTATTCTCGAAAAGCTTTTT <mark>-</mark> AGCCAACAACGGAGAAATTATGAGGCCGTCG	:	87
TrMDHc7	:	CTCTCTCTCTTTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAACAACGGAGAGAATTATGAGGCCGTCG	:	90
TrMDHc8	:	CTCTCTCTCTTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAACAACG-AGAGAAT#ATGAGGCCGTCG	2	89
TrMDHc9	:	CTCTCTCT[[]T2]TATTCTCGAAAAGCTTTTT-NGCCA][CAACGGAGAGTTATGAGGCCGTCG	:	87
TrMDHc10	:	CTCTCTCTTTATTCTCGAAAAGCTTTTTCAGCCAACAACGGAGAGAATTATGAGGCCGTCG	:	86
TrMDHc11	:		:	48
TrMDHc12	:	TTCTC AAAGCTTTT AGCC ACAACG AGAGAA AATGAGGCCGTCG	:	46
TrMDHc13	:	TTCTCG-AAAGCTTTTTCAGCC-ACAACGNANAGAATAATGAGGCCGTCG	:	48
TrMDHc14	:		:	-
TrMDHc15	:		:	-
TrMDHc16	:		:	-
TrMDHc17	:		:	-
		* 140 * 160 * 180		
TrMDHc1	:	ATGCTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTATCCCGCGCCTCGTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	185
TrMDHc2	:	ATGCTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTÄTCCCGCGCCTCGTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	182
TrMDHc3	:	ATGCTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	168
TrMDHc4	:	ATGCTCAGATCIIGTCCAATCAGCCGTÄTCCCGCGCCTCITCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	154
TrMDHc5	:	ATGITCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	151
TrMDHc6	:	ATGHTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	150
TrMDHc7	:	ATGHTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	153
TrMDHc8	:	ATGCTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTATCCCGCGCCCTCGTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	152
TrMDHc9	:	ATGNTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	150
TrMDHc10	:	ATGITCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	149
TrMDHc11	:	ATGTTCAGATCCGTCCAATCAGCCGTCTCCCGCGCCTCTTCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	
TrMDHc12	:	ATGCTCAGATCAGTCC-ATCAGCCGTATCCCGCGCCTCCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT	:	108
TrMDHc13	:	ATGCTCAGATCTGTCC <mark>=</mark> ATCAGCCGTTTCCCGCGCCTCCTCACCTAACCCGCCGTGGCTAT ATGCTCAGATCTGTCCAATCAGCCGTATCCCGGGCCTCCTCACCTAACCCGCCGTGGGTAT	:	111
TrMDHc14	:		:	-
TrMDHc15	:		:	_
TrMDHc16	:		:	_
TrMDHc17	:		:	_
	-	•	-	

		1.0/2-11		
		<u>* 200 * 220 * 240 * </u>		
TrMDHcl	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGG‡GCTGCCGGCGGGATCGGACAG	:	248
TrMDHc2	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGTGCTGCCGGCGGGATCGGACAG	:	245
TrMDHc3	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	•	231
TrMDHc4		GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGTGCTGCCGGCGGGATCGGACAG	:	
TrMDHc5	:	GCTACCAAACAAGTICCAGAACGCAAGTIGGCAATTCTCGG_GCTGCCGGCGGGATCGGACAG	:	217
	•	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	:	214
TrMDHc6	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	:	213
TrMDHc7	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	:	216
TrMDHc8	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAGGGTGGCCATTCTCGGTGCTGCTGGGGCGGGATCGGAGCAG		215
TrMDHc9	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	:	213
TrMDHc10	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGNGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	•	212
TrMDHc11		GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCCGGCGGGATCGGCCAG	:	
TrMDHc12	:	CCTACCCAACCCAGGTCCACAACCCAAGGTCGCCAGTCCCCCCGCCGCCGCCCAG	:	174
	•	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGTGGCCATTCTCGGCGCTGCTGGGCGGATCGGCCAG	:	171
TrMDHc13	:	GCTACCGAACCAGTTCCAGAACGCAAGGÄGGCCATTCTCGGÄGCTGCCGGCGGGATCGGÄCAG	:	174
TrMDHc14	:		:	-
TrMDHc15	:		:	_
TrMDHc16	:			_
TrMDHc17	:		:	
			:	-
		260 * 280 * 300 *		
m-MOII-1				
TrMDHcl	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	311
TrMDHc2.	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	308
TrMDHc3	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	294
TrMDHc4	:		:	280
TrMDHc5	:	CCTCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	277
TrMDHc6	:		•	
TrMDHc7			:	276
TrMDHc8	:	COTOTOTOTOTOTOTO A CONTRACTOR A		279
	•	CCTCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	278
TrMDHc9	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	276
TrMDHc10	:	CCTCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	275
TrMDHc11	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	237
TrMDHc12	:	CCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAAIICCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT		234
TrMDHc13	:	CCTCTCTCTCTCTCATGAAGCTCAACCCTCTCGTTTCAACCCTATCTCTTTATGATATTGCT	:	237
TrMDHc14	:		•	231
TrMDHc15	•		:	-
TrMDHc16	:		:	-
	•		:	-
TrMDHc17	:		:	-
		320 * 340 * 360 * 3		
TrMDHc1	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		374
TrMDHc2	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		
TrMDHc3	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		371
TrMDHc4		GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		357
TrMDHc5	•	GCA CCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT	:	343
	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT	:	340
TrMDHc6	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT	:	339
TrMDHc7	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT	:	342
TrMDHc8	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT.		341
TrMDHc9	:			339
TrMDHc10	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		
TrMDHc11	:			338
TrMDHc12		GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT		300
TrMDHc12		GCA CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC		297
	:	GGAACCCCTGGTGTCGCCGCTGATGTCAGCCACATCAACTCCAGATCTGAGGTAACTGGGTAT	: :	300
TrMDHc14	:	GNGTGTCGCCGCTGNNGTCAGCCACATCAACTCCANANCTGA GTAACTGGGTAT	:	54
TrMDHc15	:	GNTGATGT -NGCC -CAT - AACTCC -GATCTGAGGTAACTGGGTAT	:	41
TrMDHc16	:		2	
TrMDHc17	:			_

		80 * 400 * 420 * 440		
TrMDHc1	:	GCAGGTGAAGAAGAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTATAATTCCTGCTGGT		400
TrMDHc2		GCAGGTGAAGAAGACTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	437
TrMDHc3		GCAGGTGAAGAAGACTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCÄGGT	:	434
TrMDHc4		GCAGGTGAAGAAGACCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	420
TrMDHc5	;	GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	406
TrMDHc6	:	GCAGGTGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGC@GGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGC@GGT	:	403
TrMDHc7	:	GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTATAATTCCTGCGGGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCGGGT	:	402
TrMDHc8	:	GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTATAATTCCTGCGGGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	405
TrMDHc9	:	GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTATAATTCCTGCTGGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	404
TrMDHc10	:		:	402
TrMDHc11	:	GCAGGIGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGC@GGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGC@GGT	:	401
TrMDHc12	:	CCAGGIGAAGAAGAGCIIGGAAAAGCIIIGGAGGGIGCIGAIGIIGTIATAATICCIGCGGGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	363
TrMDHc13	:	GCAGGTGAAGAAGAGC11GGAAAAGC111GGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	360
TrMDHc14	:	GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	363
TrMDHc15	:	CCAGGTGAAGAAGAGCIIIGGAAAAGCIIIIGGAGGGIGCTGGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	117
TrMDHc16		GCAGGTGAAGAAGAGCTTGGAAAAGCTTTGGAGGGTGCTGATGTTGTTATAATTCCTGCTGGT	:	104
TrMDHc17	:		:	-
TIMBLET	•		:	_
		<u>* 460</u> * 480 * 500		
TrMDHc1	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	500
TrMDHc2	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	497
TrMDHc3	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTTTAATGCTGGCATTGTCAAG	:	483
TrMDHc4	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	469
TrMDHc5	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	466
TrMDHc6	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	465
TrMDHc7	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	468
TrMDHc8	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	467
TrMDHc9	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGT	•	465
TrMDHc10	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	464
TrMDHc11	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG		426
TrMDHc12	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG		423
TrMDHc13	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG		426
TrMDHc14	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	:	180
TrMDHc15	:	GTGCCCAGAAAGCCTGGAATGACTCGTGATGATCTTTTCAATATTAACGCTGGCATTGTCAAG	•	167
TrMDHc16	:			
TrMDHc17	:		-	-
			•	
mayDire1		* 520 * 540 * 560		
	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATG	:	537
	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	560
TrMDHc3	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	546
	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	532
TrMDHc5	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	529
TrMDHc6	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	528
	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT		531
	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	530
TrMDHc9	:	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	528
TrMDHc10 TrMDHc11	•	TCACTTGCCACTGGTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT		527
	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT		489
TrMDHc12	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT		486
TrMDHc13 TrMDHc14	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	489
	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT		243
TrMDHc15	•	TCACTTGCCACTGCTATTTCTAAGTACTGCCCCCATGCCCTTGTTAACATGATAAGCAACCCT	:	230
TrMDHc17	•		:	3
TIMDUCT	•		:	-

	* 5	80	* 600	) +	620	*		
TrMDHc1 :							:	_
TrMDHc2 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	TTCAAGAAG	CAGGG		:	608
TrMDHc3 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGG				:	575
TrMDHc4 :	GTGAACTCCAC						:	563
TrMDHc5 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	TTTCAAGAAG	CAGGGACATA	<u> </u>	:	583
TrMDHc6 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	TTTCAAGAAG(	CAGGGACATA	TGACGAGAAG	:	591
TrMDHc7 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	rttcaagaag(	GCAGGGACATA	TGACGAGAAG	:	594
TrMDHc8 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGC				:	556
TrMDHc9 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT"	TTCAAGAAG	GCAGGGACATA	TGACGAGAAG	:	591
TrMDHc10 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGNAGAGGT	rttcaagaag(	<b>ECNGGGACATA</b>	TGACÑAGAAÑ	:	590
TrMDHc11 :	GTGAACTCCAC						:	552
TrMDHc12 :	GTGAACTCCAC						:	549
TrMDHc13 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAÑAGGT	TTTCAAGAAG(	GCAGGGACATA	TGACÑAGAAG	:	552
TrMDHc14 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	rttcaagaag(	GCAGGGACATA	TGACGAGAAG	:	306
TrMDHc15 :	GTGAACTCCAC	CGTTCCCATTC	CTGCAGAGGT	rttcaagaag(	GCAGGGACATA	TGACGAGAAG	:	293
TrMDHc16 :							:	_
TrMDHc17 :							:	-
	2.02							
.,>	640	*	660	. *	680	*		
TrMDHc1 :							:	-
TrMDHc2 :							:	_
TrMDHc3 :							:	-
TrMDHc4 :							:	-
TrMDHc5 :							:	
TrMDHc6 :	AGATTGT			an acada a n			:	598
TrMDHc7 :	AGATTGTTTGG	GGTTACAACCC	TIGATGTAGT	CAGGGCGAAA	ACTITIITATGC	CGGGAAAGCI	•	657
TrMDHc8 :				27 0000007 7 7		GGGGAAAGGE	:	-
TrMDHc9 :	AGATTGTTTGG AFATTGTTTGG						:	654
TrMDHc10:				AAAADDDDAA	ACTITITIOC	CGGGAAAGCI	:	652 577
TrMDHc11:	AGATTGTTTGG			GA GGGGA A A A			:	
TrMDHc12:	AGATTGTTTGG AGATTGTTTGG					FOGGNANGGE	:	594 615
TrMDHc13 :	AGATTGTTTGG						•	369
TrMDHc14 :	AGATTGTTTGG						ı.	356
TrMDHc15 :	AGAIIGIIIGG	GGIIACAACCC	LIIGAIGIAGI	CAGGGCAAAA	ACTITCIATGC	L.GGGAAAGC I	:	350
TrMDHc16 :								_
TIMDHC17:							•	-
•	700	*	720	*	740	*		
TrMDHc1 :							:	-
TrMDHc2 :							:	-
TrMDHc3 :							:	-
TrMDHc4 :							:	_
TrMDHc5 :							:	-
TrMDHc6 :							:	-
TrMDHc7 :	AAAGTTCCAGT	TGCCGAGGTC	AATGTACCTGT	TTTTGGAGGC	CATGCAGGAGI	TACTATTMTT	:	720
TrMDHc8 :							:	_
TrMDHc9	AAAGTTCCAGT						:	682
TrMDHc10 :	AAAGTTCCAGI	TGCCGÑGGŒÑ	AATGNÑCCTGT	TNTTGGAGGC	C-TGC-NGAG-	TNCTATT-NT	:	711
TrMDHc11 :							:	-
TrMDHc12							:	-
TrMDHc13	AAAGTTCCAGT						:	678
TrMDHc14	AAAGTTCCAGT	TGCCGAGGTC	AATGTACCTGT	TATAGGAGGC	CATGCAGGAGT	TACTATTCTC	:	432
TrMDHc15	AAAGTTCCAGT	TGCCGAGGTC	AATGTACCTGT	TATAGGAGGC	CATGCAGGAGT	TACTATTCTC	:	419
TrMDHc16							:	-
TrMDHc17							:	-

		•								
		760	*	780	*	800	*	8:	2	
TrMDHc1	:								- :	_
TrMDHc2	:									_
TrMDHc3	:								_ :	_
TrMDHc4	:								_ :	_
TrMDHc5	:								_ :	_
TrMDHc6	:								- :	_
TrMDHc7		CCATTATTTTN	TAAGG-AA	CACCTNAAGO	יר א א ייאנייר	GNTGATGAZIA	CCTTMAC			700
TrMDHc8			Estado Mar	CHECIMANO	CAAINIC	ONICATORA	CCTTMAGG	3N111AAC	9 :	782
TrMDHc9	:								- :	-
TrMDHc10	:	CCGTTTTTT	TEACC GA	MICCT NAME	CIANO ON	COMO A TINEA MA	COTTAR			
TrMDHc11	:	CCGTTMTTTT	HERCE - WAL	ATACCI -IAMIAC	CANT - IN	GGWGATWAMA	CCTTAAGC	GINNI - ACC	달 :	769
TrMDHc12	:								- :	-
TrMDHc13	•	CCATTATTTA	TAACCCAA							
TrMDHc13	•	CCATTATTTTN	INAGGCAAG	CACCINAAGC	CAATNIG	GGTGANGATN	CCTTAAGO	NTTTAAC	3	741
TrMDHc14	:	CCATTATTTT CCATTATTTT	TCAGGCAAG	CACCTCAAGC	CAATCTG	GATGATGATA	CATTAAGO	GTGTAAC	:	495
	:	CCATTATTTTG	TCAGGCAA	CACCTCAAGC	CAA'I'C'I'G	GATGATGATA	CATTAAGO	GTGTAAC	:	482
TrMDHc16	:								- :	-
TrMDHc17	:								- :	-
		_								
		0 *	84	40	*	860	*	880		
TrMDHc1	:								- :	-
TrMDHc2	:								- :	-
TrMDHc3	:								- :	_
TrMDHc4	:								- :	-
TrMDHc5	:								- :	_
TrMDHc6	:								. :	_
TrMDHc7	:	GNANGGĢCŅCA	AGATGGGG	GAACNGAA-T	TGNGACC	GCCAAGGGTT-			- :	827
TrMDHc8	:								- :	-
TrMDHc9	:								- :	٠ _
TrMDHc10	:	GG-NNGGCNCA	AAANG-GGO	BAACAAAA-N	TINGAC-					801
TrMDHc11	:								. :	• -
TrMDHc12	:									_
TrMDHc13	:	GNANGGAC <mark>E</mark> CA GCANGGACACA	ANANGGAGO	GAACAÑAANT	TNNGACC	CCCANGG-TGC	-AAGGGTT	NT-NNACT		801
TrMDHc14	:	GCAAGGACACA	AGATGGAGG	BAACAĞAAĞT	TGTGACC	GCCAAGGCTGC	AAAGGGTT	CTGCAACT		558
TrMDHc15	:	GCAAGGACACA	AGATGGAGO	GAACAGAAGT	TGTGACC	GCCAAGGCTGG	BAAGGGTT	CTGCAACT		545
TrMDHc16	:							CICCAMCI		J4J
TrMDHc17	:									_
									•	_
										•
		*	900	*	9:	20	*	940		
TrMDHc1	:									_
TrMDHc2	:								. :	_
TrMDHc3	:								. :	_
TrMDHc4	:								:	
TrMDHc5	:			·					•	_
TrMDHc6	:			·					•	_
TrMDHc7	•		<del></del>						•	-
TrMDHc8	•								:	-
TrMDHc9	•					<b></b>			:	_
TrMDHc10	:								:	-
TrMDHc11	:		<b>_</b>						:	-
TrMDHc11	•								:	-
	•	TT MNA ARCON							:	-
TrMDHc13	:	TT-NNAATGGN		7000						811
TrMDHc14	:	TTGTCAATGGC	L'L'ATGCTGG	AGCCATATT	TGCTGAT	GCTTGCCTCAA	AGGTCTGA	ATGGAGTT	:	621
TrMDHc15	:	TTGTCAATGGC	<u>u</u>						:	557
TrMDHc16	:				CTGNT	GCTNGCCT-NA	NGGNCTGA			34
TrMDHc17	:							-GNGNGTT	:	7

		*	960	*	980	*	1000			
TrMDHc1	:								:	•
TrMDHc2	:								:	-
TrMDHc3	:								:	-
TrMDHc4	:								:	-
TrMDHc5	:								:	-
TrMDHc6	:								:	-
TrMDHc7	:								:	-
TrMDHc8	:								:	-
TrMDHc9	:								:	-
TrMDHc10	:								:	-
TrMDHc11	:								:	-
TrMDHc12	:								:	-
TrMDHc13	:								:	
TrMDHc14	:	CCAGATG	TTATTGAGTGCT	CATATGTGC	AATCCAATAT	CATCTCTGAC	CTTNCTTT	CTTTGCT	:	684
TrMDHc15	:								:	
TrMDHc16		-CNGANG	TTATTGA <u>ACT</u> CT TTATNGAGTGCT	CATATGTGC	AATCCAATAT	CATCTNTGAC	CTTCCTTT	CTTTGCT	:	96
TrMDHc17	:	CCAGATG	TTATNGAGTGCT	NTATGTGC	-AT-CNATAT	-MTCTCTGAC	CTTCCTTT	CTTTGCT	:	66
	Ī									
		*	1020	*	1040	*	1060	*		
TrMDHc1	:								:	
TrMDHc2	:								:	
TrMDHc3	:								:	
TrMDHc4	:								:	
TrMDHc5	:						~		:	
TrMDHc6	:								:	
TrMDHc7	:								:	
TrMDHc8	:								:	
TrMDHc9	:								:	
TrMDHc10	•								:	
TrMDHc11									:	
TrMDHc12	:								:	
TrMDHc13	•								:	
TrMDHc14	:	TCCAAGG	TGAGGATTGGGA	ANAATGGTO	TCCCAANAAT				:	72
TrMDHc15	:	- connec							:	
TrMDHc16	:	TCCAAGG	NNNGGATTGGGA	AGAATGGTO	TGGAAGAGAT	TCTG			: .	13
TrMDHc17		TCC-AGG	TGAGGATTGGGA	AGAATGGT	TGGAAGAAT	TCTGGGCTT	AGGTTCTCT	CACAGAT		12
11PDIC1	•	ree mee	10710071110001		310012101211				•	
		10	80 *	110	00	* 112	20	*		
TrMDHc1	:								:	
TrMDHc2	:								:	
TrMDHc3	:								:	
TrMDHc4	:								:	
TrMDHc5									:	
TrMDHc6									:	
TrMDHc7	:								:	
TrMDHc8	:								:	
TrMDHc9	:								:	
TrMDHc10	:								:	
TrMDHc11										
TrMDHc11									•	
TrMDHc12										
TrMDHc14									:	
TrMDHc15									:	
TrMDHc16			PAACAAGGCCTTC							10
CTIVILIMO 1 /	•	######################################		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	ニューイーブーブニュ ゴミュニュッチュッチュー			A-A-A-1-1-1-1-1-1		۔ ہد

	1140	*	1160	*	118	0	*	1	
TrMDHc1	:						·	·- :	-
TrMDHc2	:							:	-
TrMDHc3	:			<del></del>				- :	_
TrMDHc4								. <b>.</b> :	_
TrMDHc5								· <b>-</b> :	-
TrMDHc6	:							- :	_
TrMDHc7	:								_
TrMDHc8	:							:	_
TrMDHc9	:							. <b>.</b> .	_
TrMDHc10 :	:							·- :	_
TrMDHc11 :								:	_
TrMDHc12	:							:	_
TrMDHc13	:							:	_
TrMDHc14 :	:							:	_
TrMDHc15 :	:								_
TrMDHc16 :								:	_
TrMDHc17 :	AAATTTGC	CTCCCAGTAA	TCGAACATG	TCATACATT.	ACTGGATTT'	TTCCATTTA	GAACCAGA	<b>T</b>	254
	(=95.00								
	200	*	1220	*	1240	*	126	0	
TrMDHc1 :	:							· - ' :	-
TrMDHc2 :	:							·- :	-
TrMDHc3 :	:							·- :	-
TrMDHc4 :	:							•	-
TrMDHc5 :	:							·- :	-
TrMDHc6 :	:							- :	-
TrMDHc7 :	:							- :	-
TrMDHc8 :	:							- :	-
TrMDHc9 :	:								-
TrMDHc10 :	:							·- :	-
TrMDHc11 :	:							- :	-
TrMDHc12 :	:						_	- :	-
TrMDHc13 :	:							- :	-
TrMDHc14 :	:							- :	-
TrMDHc15 :	:							- :	-
TrMDHc16:								- :	-
TrMDHc17 :	CAAATTTT	GCAAATTCAG.	AACAATTGT	TTGTAATGT	IGCCGGTAG(	GTATACCCC	TAGATTTA	A :	317
									Ţ.
		* 12	80	*	1300	*	1320		
TrMDHc1 :								- :	_
TrMDHc2 :								·- •	_
TrMDHc3 :								- :	_
TrMDHc4 :								;	_
TrMDHc5 :									_
TrMDHc6 :								- :	_
TrMDHc7 :								_ :	_
TrMDHc8 :								_ ;	_
TrMDHc9 :								_ :	_
TrMDHc10 :								_ :	_
TrMDHc11 :									_
TrMDHc12 :								_ :	_
TrMDHc13 :								_ :	_
TrMDHc14 :									_
TrMDHc15 :								_ :	_
TrMDHc16 :								- :	_
TrMDHc17 :		TCTGCGAGAG						G :	380

		*	1340	*	1360	*	1380		
TrMDHcl	:							:	_
TrMDHc2	:							:	_
TrMDHc3	:							:	_
TrMDHc4	:							:	_
TrMDHc5	:							:	_
TrMDHc6	:							:	_
TrMDHc7	:							:	_
TrMDHc8	:							:	_
TrMDHc9	:							:	_
TrMDHc10	:						<b></b>	:	_
TrMDHc11	:					~		:	_
TrMDHc12	:						<b></b>	:	_
TrMDHc13	:						<b></b>	:	_
TrMDHc14	:							:	_
TrMDHc15	:							:	
TrMDHc16	:								_
TrMDHc17	:	GCCTTTCCA	TTCGTAATGGCCC	TTCATTGT	<b>IGCATGNTTTC</b>	ATATAATGCAA	TTGAAGGGTGN	:	443
		*	1400						
TrMDHc1	:			: -					
TrMDHc2	:			: -			·		
TrMDHc3	:			: -					
TrMDHc4	:			: -					
TrMDHc5	:			: -					
TrMDHc6	:			: -					
TrMDHc7	:			: -					
TrMDHc8	:			: -					
TrMDHc9	:			: -					
TrMDHc10	:			: -					
TrMDHc11	:			: -					
TrMDHc12	:			: -					
TrMDHc13	:			: -					
TrMDHc14	:			: -					
TrMDHc15	:			: -					
TrMDHc16	:			: -					
TrMDHc17		TEGNICANCE	ATACACANCCCCC	. 465			•		

	J	* 60	40 *	*	20	*		
: 60	! <b>:</b>	CTCTTTCCATT	CTTAAATCTCTCTCAACTTC	CCATTTTCCTC	AGATTTNAACO	GGGTAGGCGG	:	TrMDHd
: 120		* 120 FACTTTTACTA	100 * TGGCAGCATCAGCAGCAGCT	* SAGGTCGAGAT	80 TTCATTCCCAC	* CCCATTACCAT	:	TrMDHd
: 180		* 180 TTTGAAAGTCA	160 * CTCAATCAAACCCTTTTGGT	* AGGCCACTTCC	140 CCAAACAGGGA	* TTGGAACTGC	:	TrMDHd
: 240		* 240 FCTAAGATGCG	220 * FTCTCAAGGCCATGTCATCT	* ACCTTCTCTGG	200 IAATTTTAAGI	* ATTCCCAGGT	:	TrMDHd
: 300		* 300 AACTTTTGCAC	280 * CTAGTGCTGCTGCGTGCA	* GCAACGAAAC	260 ATCTTTCTTTC	* AGTCTGAATC	:	TrMDHd
: 360		500	340 * ACCGCAATTTGCATCCTCAG	* CAAAACATCAA	320 AAAGGAAAAC	CCAAAGCTCAA	:	TrMDHd
: 420		* 420 FCTCATTAAGA	400 * TTGGTCAGCCACTGGCACTT	*. ECAGGAGGAAT	380 CTTGGTGCTC	* AAGTGGCGGTT	:	TrMDHd
: 480			460 * ATGATATCGCGAATGTTAAG	* CTGCATCTTTA	440 GGTTTCCGAC	* TGTCGCCTTTC	:	TrMDHd
: 540		540	520 * AGGTTTTGGATTTCACAGGT	* ACTCCTTCAAA	500 CATTGCAAC	* CTGATATCAGT	:	TrMDHd
-00	F	t	580 *	* 35764774477477	560	* ጥርረርርን እ አጥጥርባ		รับ <i>เ</i> พ√บ

		*	20	*	40	*	60		
TrMDHd	:	MAASAAATFTIG	TAQTGRPLPQSNI	PFGLKVNSQVN	IFKTFSGLKAI	MSSLRCESES:	SFFGNE	:	60
TrMDHd	:	* TSAALRATFAPK	80 AQKENQNINRNLE	* IPQASYKVAVI	100 GAAGGIGQPI	* LALLIKMSPL	120 VSDLHL	: :	120
г∽мона		, * VDT ANT/KGV/A A D 1	140	*	160	CITTO	_		

		*	20		40		_	
TrMDHd1 :	GNGTAGG	CGGAGATTT				* 6 CTTCTCTTTCCAT	0	
TrMDHd2	-GITAGG	CGGAGATTÑ	ÍNAACCCATTTT	CTCTTAA	ATCTCTCTC-A	CTTCTCTTTTCCAT		60 58
TrMDHd3 :		GGAGATTT	NAACCCATTTT	CTCTTAA	ATCTCTC-CCA	CTTCTCCTTCCAT		52
MacWD47-29	accounts.	*	80	*	100	* 12	0	
TrMDHd1 :	CCCATTAC	CATTCATT	CCCAGAGGTCGA	AGATGGCAC	CATCAGCAGC	AGCTACTTTTACT	A :	120
TrMDHd2:	CCCATTAC	CATTCATT	CCCAGAGGTCGA	AGATGGCAC	CATCAGCAGC	AGCTACTTTTACT AGCTACTTTTACT	. ·	118
ir.ibiid5 .	CCCATIAC	CALICALI	RDM TOWNSON	GAIGGCAC	CAICAGCAGC	AGCTACTTTTACT	4	112
		*	140	*	160	* 18	)	
TrMDHd1 :	TTGGAACT	rgcccaaac	AGGGAGGCCACT	TCCTCAAT	CAAACCCTTT	TGGTTTGAAAGTC	Δ .	180
TrMDHd2 :	TTGGAACT	rgcccaaac	:AGGGAGGCCAC1	TCCTCAAT	CAAACCCTTT	TGGTTTGAAAGTC	<b>)</b> :	1:78
TrMDHd3:	TTGGAACT	'GCCCAAAC	AGGGAGGIICACT	TCCTCAAT	CAAACCCTTT	TGGTTTGAAAGTC	<b>A</b> :	172
		*	200	*	220	* 241		
TrMDHd1 :	ATTCCCAC	GTTAATTT		тсстст	ACCCCATCTC	* 24( ATCTCTAAGATGC		240 -
TrMDHd2 :	ATTCCCAC	GTTAATTI	TAAGACCTTCTC	TGGTCTCA	AGGCCATGTC	ATCTCTAAGATGC(		238
TrMDHd3 :	ATTCCCAC	GTTAATTT	TAAGACCTTCTC	TGGTCTC	AGGCCATGTC	GTCTCTAAGATGC(		232
TrMDHd1 :	ACTOTOA	TCATCTT	260	*	280	* 300		
TrMDHd1 :	AGTCTGAA	1 CAICIII	CTTTCCCAACGA	AACTAGTC	CTGCTCTGCG	rgcaacttttgca rgcaacttttgca	;	300
TrMDHd3 :	AGTCTGAA	TCATCTTT	CTTTGGCAACGA	AACTÄGTG	CTGCTCTGCG	IGCAACTTTTGCA( IGCAACTTTTGCA(		298
		, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,			0100101000	IOCIMCITIIGCA		292
·								
m-vmvv3a		*	320	*	340	* 360	)	
TrMDHd1 :	CCAAAGCT	* CAAAAGGA	AAACCAAAACAT	* CAACCGCA	ATTTGCATCC'	ICAGGCATCCTAC		360
TrMDHd2:	CCAAAGCT	'CAAAAGGA	AAACCAAAACAT AAACCAAAACAT	'CAACCGCA	ATTTGCATCC	TCAGGCATCCTAC	:	358
	CCAAAGCT	'CAAAAGGA	AAACCAAAACAT AAACCAAAACAT	'CAACCGCA	ATTTGCATCC	ICAGGCATCCTAC	:	-
TrMDHd2:	CCAAAGCT	'CAAAAGGA	AAACCAAAACAT AAACCAAAACAT	'CAACCGCA	ATTTGCATCC	TCAGGCATCCTAC	:	358
TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA *	AAACCAAAACAT AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT 380	CAACCGCA CAACCGCA	ATTTGCATCC ATTTGCATCC ATTTGCAGCC	TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA		358
TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA * GTTCTTGG	AAACCAAAACAT AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG	CAACCGCA CAACCGCA * AATTGGTC	ATTIGCATCC ATTIGCAĞCC ATTIGCAĞCC 400 AGCCACTGGC	CAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA  * 420 ACTTCTCATTAAGA		358
TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd2 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA * GTTCTTGG	AAACCAAAACAT AAACCÄAAACAT AAACCÄAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG	CAACCGCA CAACCGCA  * AATTGGTC	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC 400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC	TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA  * 420 ACTTCTCATTAAGA		358 352
TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA * GTTCTTGG	AAACCAAAACAT AAACCÄAAACAT AAACCÄAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG	CAACCGCA CAACCGCA  * AATTGGTC	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC 400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC	CAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA  * 420 ACTTCTCATTAAGA		358 352 420
TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd2 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA * GTTCTTGG	AAACCAAAACAT AAACCÄAAACAT AAACCÄAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG	CAACCGCA CAACCGCA  * AATTGGTC	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC 400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC	TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA TCAGGCATCCTACA  * 420 ACTTCTCATTAAGA		358 352 420 418
TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd2 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG	'CAAAAGGA 'CAAAAGGA * GTTCTTGG	AAACCAAAACAT AAACCÄAAACAT AAACCÄAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG	CAACCGCA CAACCGCA  * AATTGGTC	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA	CAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA * 420 ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA		358 352 420 418
TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd2 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG AAGTGGCG	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC	ATTTGCATCC ATTTGCAGCC  ATTTGCAGCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA AGCCACTTGCA  460 TCGCGAATGTC	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA * 420 ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA		358 352 420 418 412
TrMDHd2 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC TTATGATA	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC AGCCACTĞCC  TGCGGAATGT TCGCGAATGT	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCATTAAGA CAGGCATCTCATTAAGA CAGGCAGTTGCTCAGAGAGGCAGTTGCTCAGAGAGGAGTTGCTCAAGAGGAGTTGCTCAAGAGGAGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAAGGGAAGTTGCTCAAAGGGAAGTTGCTCAAGAGGAAGTTGCTCAAAGAGGAAGTTGCTCAAAGAGGAAGTTGCTCAAAAAAAA		358 352 420 418
TrMDHd2 : TrMDHd3 :  TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC TTATGATA	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC AGCCACTĞCC  TGCGGAATGT TCGCGAATGT	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA * 420 ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA		358 352 420 418 412
TrMDHd2 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC TTATGATA	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGC AGCCACTGGC AGCCACTĞCC  TGCGGAATGT TCGCGAATGT	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCATTAAGA CAGGCATCTCATTAAGA CAGGCAGTTGCTCAGAGAGGCAGTTGCTCAGAGAGGAGTTGCTCAAGAGGAGTTGCTCAAGAGGAGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAGGGAGTTGCTCAAAGGGAAGTTGCTCAAAGGGAAGTTGCTCAAGAGGAAGTTGCTCAAAGAGGAAGTTGCTCAAAGAGGAAGTTGCTCAAAAAAAA		358 352 420 418 412 480 478
TrMDHd2 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC TTATGATA	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC  ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTĞGCA AGCCACTĞGCA  TCGCGAATĞT TÜĞCGAATĞT	CAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCTACA CCAGGCATCCATTAAGA CCAGGCATCCATTAAGA CCAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGA CAGGCAGTTACAGAGAAGGCAGTTACAGAGGCAGTTACAGAAGGCAGTTACAGAAGGCAGTTACAGAGGCAGTTACAGAGGCAGTTACACACAC		358 352 420 418 412 480 478
TrMDHd2 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG ATGTCGCCT TGTCGCCT	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  TTGGTTTC TTGGTTTC	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC TTATGATA TTATGATA TTATGATA	ATTTGCATCC ATTTGCAGCC  ATTTGCAGCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA AGCCACTTGCA  TCGCGAATGTT TCGCGAATGTTTGCGCAATGTTTTGCGAATGTTT	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA CACTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA CAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC		358 352 420 418 412 480 478 472
TrMDHd2 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT CTGATATC	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTĞCA AGCCACTĞCA TCGCGAATGT TCGCGAATGT TĞGCGAATGT TĞGCGATTCACA	TCAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA  * 480 IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC AAGGGAGTTGCTC AAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAACA AGGTGCTTCTTGAGTAAAGGCAGTCCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAAAAAAAA		358 352 420 418 412 480 478 472
TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd1 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd1 :	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT CTGATATC	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTĞCA AGCCACTĞCA TCGCGAATGT TCGCGAATGT TĞGCGAATGT TĞGCGATTCACA	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA CACTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA CAGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC		358 352 420 418 412 480 478 472
TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd2 : TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT CTGATATC	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTĞCA AGCCACTĞCA TCGCGAATGT TCGCGAATGT TĞGCGAATGT TĞGCGATTCACA	TCAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA  * 480 IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC AAGGGAGTTGCTC AAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAACA AGGTGCTTCTTGAGTAAAGGCAGTCCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAAAAAAAA		358 352 420 418 412 480 478 472 540 538
TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd2 : TrMDHd2 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT CTGATATC	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCATCC ATTTGCAGCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA AGCCACTTGCA  TCGCGAATGTT TCGCGAATGTT TCGCGAATGTT TGGATTTCACA TGGATTTCACA	TCAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA  * 480 IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC AAGGGAGTTGCTC AAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAACA AGGTGCTTCTTGAGTAAAGGCAGTCCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAAAAAAAA		358 352 420 418 412 480 478 472 540 538
TrMDHd1: TrMDHd3: TrMDHd1: TrMDHd3: TrMDHd1: TrMDHd1: TrMDHd2: TrMDHd3: TrMDHd3:	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT CTGATATC	CAAAAGGA  * CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG AGTCATTG AGTCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCAĞCC ATTTGCAĞCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTĞCA AGCCACTĞCA TCGCGAATGT TCGCGAATGT TĞGCGAATGT TĞGCGATTCACA	TCAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ICAGGCATCCTACA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA  * 480 IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC IAAGGGAGTTGCTC AAGGGAGTTGCTC AAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGTGCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAACA AGGTGCTTCTTGAGTAAAGGCAGTCCTTCTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAGTTCTTGAGTAAAGGCAAAAAAAA		358 352 420 418 412 480 478 472 540 538 532
TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd3 : TrMDHd3 : TrMDHd1 : TrMDHd2 : TrMDHd3 : TrMDHd3 : TrMDHd3 :	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT	CAAAAGGA  CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTĞGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG AGĞCATTG AGĞCATTG AGĞCATTG	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG 440 CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCATCC ATTTGCAGCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA AGCCACTTGCA  TCGCGAATGT TCGCGAATGT TCGCGAATGT TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA ACTTCTCATTAAGA CAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTGCTC CAAGGGAGTTCCTGAGT CAGGTGCTTCTGAGT CAGGTGCTTCTGAGCC CAGGTGCTTCTGAGCC	55	358 352 420 418 412 480 478 472 540 538 532
TrMDHd1: TrMDHd3: TrMDHd1: TrMDHd3: TrMDHd1: TrMDHd1: TrMDHd2: TrMDHd3: TrMDHd3:	CCAAAGCT CCAAAGCT CCAAAGCT AAGTGGCG AAGTGGCG TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT TGTCGCCT	CAAAAGGA  * GTTCTTGG GTTCTTGG GTTCTTGG  * TTGGTTTC TTGGTTTC  * AGTCATTG AGTCATTG AGTCATTG AGTCATTG TTGTTTG  * TGTTTG TGTTTGAA	AAACCAAAACAT AAACCĞAAACAT AAACCĞAAACAT 380 TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG TGCTGCAGGAGG CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CGACCTGCATCT CAACACTCCTTC	* AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC AATTGGTC  * TTATGATA TTATGATA TTATGATA AAAGGTTT AAAGGTTT AAAGGTTT AAAGGTTT	ATTTGCATCC ATTTGCATCC ATTTGCAGCC  400 AGCCACTGGCA AGCCACTGGCA AGCCACTTGCA TCGCGAATGT TCGCGAATGT TCGCGAATGT TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TGGATTTCACA TACCTGCTGGT	CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CAGGCATCCTACA CACTTCTCATTAAGA CACTTCTCAGTAAGAGGAGTTGCTC CACTTCTCAGCC CACTTCTCAGCC CACTTCTCAGCC		358 352 420 418 412 480 478 472 540 538 532

#### 159/241

TrMDHe	:	TTNTNTTT	* ATTTTATGT	20 FTTTTTNCCTCC	* TACATATA	40 ACTCTTNACTTI	* NGCATACAC	6 TGTG	o :	60
TrMDHe	:	TCTCTCAA	* FTATTATT <i>I</i>	80 AGTCCTTAGAAA	* .TGGAAGCA	100 .CATGCAGCTGG/	* \GCCAATCA	120 GAGG	:	120
TrMDHe	:	ATTGCAAGA	* AATCTCTG(	140 TCATCTTCAAC	* CTCCAAAT	160 TTCCAGGAAGG	* AGGTGATGT	180 TGCA	:	180
TrMDHe	:	ATTAGCAAA	* AGCTAACTC	200 CAGAGCAAAAG	* GTGGGGCG	220 CCGGGATTCAAA	* AGTAGCAAT	240 CTTG	:	240
TrMDHe	:	GGGGCTGCT	* TGGTGGAAT	260 TGGTCAATCCC	* TTTCTTTG	280 CTGTTGAAGATC	* CAATCCATT	300 GTT	<b>:</b> ·	300
TrMDHe	:	TCAGTTCTT	* CATCTTTA	320 TGATGTTGTCA	* ACACTCCT	340 GGTGTCACTGCT	* 'GATGTTAG'	360 CAC	:	360
TrMDHe	:	ATTGACACO	* CGGTGCTGT	380 GGTTCGTGGCT	* TTCTAGGG	400 CAGGCACAACTI	* 'GAGAATGC!	420 ACTT	:	420
TrMDHe	:	ACAGGCATO		440 CGTTATACCTG	* CTGGTGTG	460 CCGAGGAAACCT	* 'GGAATGAC!	480 AAGG	:	480
TrMDHe	:	GATGACTTA		500 AAATGCTGGAA:	* FTGTGAGG	520 ACTCTTAGCGAA	* GGAATTGC(	540 CAAG	:	540
TrMDHe	:	AGCTGTCCT		560 TGTCAACTTGA:	* FTAGCAAT(	580 CCAGTGAATTCC	* ACTGTGCCA	600 ATT	:	600
TrMDHe	:	GCTGCTGAG		620 GAAAGCCGGTA(	* CATATGATO	640 CCAAAGCGACTT	* TTAGGGGTT	660 ACA	:	660
TrMDHe	:	ACCCTCGAT		680 GGCAAATACCTT	* TTGTGGCAG	700 BAAGTACTTGGT	* GTTGATCCA	720 AGA	: ·	720
TrMDHe	:	GAGGTTGAT		740 GGTAGGAGGGC	* ACGCAGGAG	760 FTCACAATATTA	* CCTCTTTTG	780 TCA	:	780
<b>I</b> rMDHe	:	CAGGTTAAG		B00 FAGCTTCACCGC	* CAGAAGAAA	820 ACCGAATACCTG	* ACAAANCGC	840 ATT	:	840
PrMDHe	:	CAAAANGGC		860 AGTTGTTGAGGC	* AAAGGCTG	880 GGGCTGGTTCG	* GCAACACTA	900 NTN	:	900
CrMDHe	:			920 Caagtttgctaa	* .CGCATGCC	940 TCCGTGGCTTG	* AAAGGAGAA	960 GCC	•	960

# FIGURE 67

#### 160/241

* 1220 * TrMDHe : ATATCTATAAAGAACTTGTGTAATAATTCC : 1230

		^	20	*	40	*	60		
TrMDHe	:	MEAHAAGANQRIARIS	AHLQPPNFQEGG	DVAISKAN	CRAKGGAPGFKV	AILGAAGG	IGOS	:	60
							~ ~ ~		
		*	80	*	100	*	120		•
TrMDHe	:	LSLLLKINPLVSVLHL	YDVVNTPGVTAL	VSHIDTGA	VVRGFLGQAQLE	NALTGMDL	VVIP	:	120
			•						
		*	140	*	160	*	180		
rrMDHe	:	AGVPRKPGMTRDDLFK	INAGIVRTLSEG	IAKSCPNA	IVNLISNPVNST	VPIAAEVF)	KKAG	:	180
CrMDHe		TVDDVDI I CUMMI DIA	200	*	220	*	240		
itmbne	•	TYDPKRLLGVTTLDVV	RANTFVAEVLGV	DEKEADAD	VVGGHAGVTILP	LLSQVKPP	SSFT	:	240
				•					
		*	260	+	200				
CrMDHe	•	AEETEYLTXRIQXGGT		ጥፒ. M አ ፕፖአ አ አ ነ	280 .	* ~~~~~~~~	300		
	•		MCDMDMITTAND	TUMAIAAA	KT ANACHRGLIKG	EAGIVECA	·VDS	:	300
		*	320	*	340	*			
rMDHe	:	QVTELPFFAAKVRLGR		NEVED TOT.			ere -	_	
	-	~		1410 T T T T T C T C T T	PICATOLE DAG DIO	VGAPLTKK	CAK:	3	59

		<u>* 20 * 40 * 60</u>		
TrMDHe1	:	TTNTNTTTATTTTTTTTTTTTTTTTCCTCCTACATATAACTCTTNACTTNGCATACACT@TG		60
TrMDHe2	:	G\(\)C		3
TrMDHe3	:	GTG		3
TrMDHe4	:			_
TrMDHe5	:			_
TrMDHe6	:		:	_
TrMDHe7	:		:	_
TrMDHe8	:		:	_
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10	:		:	_
			•	_
		* 80 * 100 * 120		
TrMDHe1	:	TCTCT-AATTATTATTAGTCCTT@GAAATGGAAGCACATGCAGCTGCTMCCAATCAGAGG		119
TrMDHe2	:	TCTCTCAATTATTATTAGTCCTTAGAAATGGAAGCACATGCAGCTGGTGCCAATGACACC	:	63
TrMDHe3	:	TCTCTCAATTATTATTAGTCCTTAGAAATGGAAGCCCATGCAGCTGGAGCCAATCAGAGG	•	63
TrMDHe4	:	GIÑAGTCCTTAÑAAATGGAAGCACATGCAGCTGGAGCC ATC GAGG	:	44
TrMDHe5	:	GAGAAATGGAAGCACATGCAGCTGGAGCCAATCAGAGG		38
TrMDHe6	:	CZANTGCAGCTGGTGCCANTNAGAGG	ı.	26
TrMDHe7	:		•	20
TrMDHe8	:		•	_
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10	:		•	_
			•	_
		<u>* 140 * 160 * 180</u>		
TrMDHel	:	ATTGCAAGAATCTCTGCTCATCTTCAGCCTCCAAATTTCCAGGAAGGA		179
TrMDHe2	:	ATTGCAAGAATCTCTGCTCATCTTCAACCTCCAAATTTCCAGGAAGGA	:	123
TrMDHe3	:	ATTGCAAGAATCTCTGCTCATCTTCAACCTCCAAATTTCCAGGAAGGA	:	123
TrMDHe4	:	ATTGCAAGAATCTCTGCTCATCTTC-GCCTCCAAATTTCCAGGAAGGA\GTGATGT73CCA	÷	103
TrMDHe5	:	ATTGCAAGAATCTCTGCTCATCTTCAACCTCCAAATTTCCAGGAAGGA	:	98
TrMDHe6	:	ATTGC-AGAATCTCTGCTCATCTT-MACCTCC-AATTTCCAGGAAGGAGGTGATGTTGCA		83
TrMDHe7	:			-
TrMDHe8	:		:	_
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10	:			_
			•	
		* 200 * 220 * 240		
TrMDHe1	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCAAAAGGTGGGGCGCCGGGATTCAAAGTAGCAATCTTG	:	239
TrMDHe2	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCAAAAGGTGGGGCGCCCGGGATTCAAACTAGCAATCTTC	:	183
TrMDHe3	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCĞAAAGGTGGGGCGCCCGGATTCA A GTAGCA ATCTTC	:	183
TrMDHe4	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCAAAAGGTGGGGCGCCGGGATTCAAAGTAGCAATCTTC	:	163
TrMDHe5	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCAAAAGGTGGGGCGCCGGGATTCAAAGTAGCAATCTTG	:	158
TrMDHe6	:	ATTAGCAAAGCTAACTGCAGAGCAAAAGGTGGGGCGCCGGGATTCAAAGTAGCAATCTTG	:	143
TrMDHe7	:		:	
TrMDHe8	:		:	_
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10			-	

	* 260 * 280 * 300	
TrMDHe1 : TrMDHe2 : TrMDHe3 : TrMDHe4 : TrMDHe5 : TrMDHe6 : TrMDHe7 : TrMDHe8 : TrMDHe9 : TrMDHe10 :	* 260 * 280 * 300  GGGGCTGCTGGTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTGAAGATCAATCCATTGGTT  GGGGCTGCTGGTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTTGAAGATCAATCCATTGGTT  GGGGCTGCTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTGAAGATCAATCCATTGGTT  GGGGCTGCTGGTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTGAAGATCAATCCATTGGTT  GGGGCTGCTGGTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTGAAGATCAATCCATTGGTT  GGGGCTGCTGGTGGAATTGGTCAATCCCTTTCTTTGCTGTTGAAGATCAATCCATTGGTT	299 243 243 223 218 203 - -
		^
TrMDHe1 : TrMDHe2 : TrMDHe3 : TrMDHe5 : TrMDHe6 : TrMDHe7 : TrMDHe8 : TrMDHe9 : TrMDHe10 :	* 320 * 340 * 36  TCAGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC: TCAGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC: TCAGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC: TCGGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC: TCGGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC: TCAGTTCTTCATCTTTATGATGTTGTCAACACTCCTGGTGTCACTGCTGATGTTAGTCAC:	359 303 303 283 278 263 -
TrMDHe1 : TrMDHe2 : TrMDHe3 : TrMDHe4 : TrMDHe5 : TrMDHe6 : TrMDHe7 : TrMDHe8 : TrMDHe9 : TrMDHe10 :	* 380 * 400 * 42  ATTGACACCGGTGCTGTGGTTCGTGGCTTTCTAGGGCAGGCA	419 363 363 343 338 323
	* 440 * 460 * 48	
TrMDHe1: TrMDHe2: TrMDHe3: TrMDHe4: TrMDHe5: TrMDHe6: TrMDHe7: TrMDHe8: TrMDHe8: TrMDHe9: TrMDHe10:		479 423 423 403 398 383 82 -
TrMDHe2 TrMDHe3 TrMDHe4 TrMDHe5 TrMDHe6	GATGACTTATTTAAGATAAATGCTGGAATTGTGAGGACTCTTTCTGAAGGAATTGTCAAG GATGACTTATTTAAGATAAATGCTGGAATTGTGAGGACTCTTAGCGAAGGAATTGCCAAG	10 : 539 : 483 : 483 : 463 : 458 : 443 : 142 : -

		* 560 * 580 * 600		
TrMDHe1		AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT	:	599
TrMDHe2		AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT	:	543
TrMDHe3		AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT	:	543
TrMDHe4		AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT	:	523
TrMDHe5	:	AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT	:	518
TrMDHe6	:	AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT		503
TrMDHe7	•	AGCTGTCCTAATGCAATTGTCAACTTGATTAGCAATCCAGTGAATTCCACTGTGCCAATT		202
	•	AGCIGICCIAMIGCAMIIGICAACIICATIAGCAMICCAGI		
TrMDHe8	•		:	_
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10	:		•	
		* 620 * 640 * 660		
mark(Direct		GCTGCTGAGGTTTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATCCAAAGCGACTTTTAMGGGTAACA		659
TrMDHe1	•	GCTGCTGAGGTTTTCAAGAAAGCCGGTACAT	:	574
TrMDHe2	:		:	576
TrMDHe3	:	GCTGCTGAGGTCTTCAAGAAAGCCGGTACATAT GCTGCTGAGGTCTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATCCAAAACGACTTTTAGGAGTTACA	:	583
TrMDHe4	:	GCTGCTGAGGTGTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATCCAAAAACGACTTTTAAGGATTACA GCTGGTGAGGTGTTCAAGAAAGCCGGNACATATGATCCAAAACNACTTTTTAAGGGTTACA	:	578
TrMDHe5	:	GCTGGTGAGGTGTTCAAGAAAGCCGGGACATATGATCCAAAAGCACTTTTAGGGGTACA GCTGCTGAGGTTTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATCCAAAGCGACTTTTAG		555
TrMDHe6	:	GCTGCTGAGGTTTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATCCAAAGCGACTTTTAG		262
TrMDHe7	:	GCTGCTGAGGTTTTCAAGAAAGCCGGTACATATGATÄCAAAGCGACTTTTAGGGGTAACA TATGATCC_AÄGGGACTTTTAGG_GGTACA	•	28
TrMDHe8	:	TATGATCC AGGCGACTITTAGG GGTACA	•	20
TrMDHe9	:		:	_
TrMDHe10	:		:	-
		* 680 * 700 * 720		
			_	673
TrMDHe1	:	ACCCTCGATGNTGT	•	6/3
TrMDHe2	:		•	-
TrMDHe3	:		•	
TrMDHe4	:	ACCCTCGATG	:	593
TrMDHe5	:	ACCCTÑGATGTTGNGAGGGCAAATACTTTTGTGGCANAAG-NCTTGGNGTTGANCCCAAA	:	637
TrMDHe6	:		:	
TrMDHe7	:	ACCCTCGATGTTGTGAGGGCAAATACCTTTGTGGCAGAAGTACTTGGTGTTGATCCAAGA	:	322
TrMDHe8	:	ACCCTCGATGTTGTGAGGGCAAATACCTTTGTGGCAGAAGTACTTGGTGTTGATCCAAGA	:	88
TrMDHe9	:		:	-
TrMDHe10	:		:	-
		* 740 * 760 * 780		
m>47277 - 4		, 40 , 70		_
TrMDHe1	•		:	
TrMDHe2	:		:	
TrMDHe3	•		:	_
TrMDHe4	:	NAGGGTNATNTTCCANTGGTAGGAGGGCCCCCNGGANT-ACAANATTACC-CTTTTTT	:	693
TrMDHe5	:	MAGGGINATA IICCAN IOGIAGOAGGGCCCCCCOCNOGAN I ACAAMAIIACC CIIIITA	i.	-
TrMDHe6	:	GAGGTTGATGTTCCAGNGGTAGGATGGCACGCANGAGT-ACAATATTACCTCTTTTGTCA	:	381
TrMDHe7	:	GAGGTTGATGTTCCAGNGGTAGGALGGCACGCANGAGTACAATATTACCTCTTTTGTCA GAGGTTGATGTTCCAGTGGTAGGAGGGCACGCAGGAGTCACAATATTACCTCTTTTGTCA	:	148
TrMDHe8	:	DAGGIIGAIGIICCAGIGGIAGGAGGGCAGGCAGGAGICACAAIAIIACEICIIIIGICA	:	7-40
TrMDHe9	•		:	
TrMDHe10	:		•	
		* 800 * 820 * 840		
TrMDHe1			:	_
TrMDHe2	•		:	_
TrMDHe3	٠		:	_
	:		•	_
TrMDHe4	:		•	_
TrMDHe5	•			_
TrMDHe6	:			440
TrMDHe7		CACCUTTA A COCTATO A CTANICTT A COCNACA ANA A A COCA A TA COTO A CANA NOCALA TT		
TTO A PROPERTY OF A	:	CAGGTTAAGCCTNCCAGTANCTT-ACCGNAGAANAAACCGAATACCTGACANANCGNATT	:	
TrMDHe8	:		:	208
TrMDHe8 TrMDHe9 TrMDHe10	:	CAGGTTAAGCCTNCCAGTANCTT <mark>-</mark> ACCGNAGAANAAACCGAATACCTGACANANCGNATT CAGGTTAAGCCTCCCAGTAGCTTCACTGCAGAAGAAACCGAATACCTGACAAATCGCATT		

		*	860	*	880	*	900	
TrMDHe1	:						:	_
TrMDHe2	:							-
TrMDHe3	:						:	-
TrMDHe4	:						:	-
TrMDHe5	:						:	-
TrMDHe6	:						:	-
TrMDHe7	:	CAAAANGGCGGAACA	CAAGTEGTTGAGC	CAAAG			:	473
TrMDHe8	:	CAAAATGGTGGAACA						268
TrMDHe9	:		GTTGTTGAGG	CAAAGGC'	rggggctggttcg	GCAACAC1	PANTN:	42
TrMDHe10	:		TTGTTGAGO	NAAAGGC'	rggggctggttcg	G-NAC-CI	I-NTN:	38
			9 3 - 1 - 1 - 1 - 1 - 1 - 1 - 1 - 1 - 1 -					
		*	920	*	940	*	960	
TrMDHe1	:						:	-
TrMDHe2	:						:	-
TrMDHe3	:						:	-
TrMDHe4	:							-
TrMDHe5	:							-
TrMDHe6	:						:	- ;
TrMDHe7	:						:	-
TrMDHe8	:	ATGGC TATGCAGCT	GCCAAGTTTGCTA	ACGCATG	CCTCCGTGGCTTG	AAAGGAGA	AAGCC :	328
TrMDHe9	:	atggcctatgcagct	GCCAAGTTTGCTA	ACGCATG	CCTCCGTGGCTTG	AAAGGAG	AAGCC :	102
TrMDHe10	:	ATGGCCTATGCAGCT	GCC-AGTTTGCT	AACGCATG	CCTCCGTGGCTTG	AAAGGAG	AAGCC :	97
		*	980	*	1000	*	1020	
TrMDHe1	:						:	-
TrMDHe2	:							-
TrMDHe3	:						:	_
TrMDHe4	:						:	-
TrMDHe5	:						•	-
TrMDHe6	:						•	-
TrMDHe7	:						•	
TrMDHe8	:	GGGATAGTGGAGTGT						388
TrMDHe9	:	GGGATAGTGGAGTGT						162
TrMDHe10	:	GGGATAGTGGAGTGT	'GCTTTTGTTGAT	rcrcagg1	PACGGAACTTCCT	TTCTTTG	AGCC:	157
		V	1040		1060	•	1080	
TrMDHe1			1040		1000		1080	_
TrMDHe1	•							_
TrMDHe2	:							
TrMDHe4	•							_
TrMDHe5	:						:	_
TrMDHe6	•						:	_
TrMDHe7	:						:	-
TrMDHe8	:	AAGGTTCGTCTTGGT	CGCGGTGGAGCA	TADADAAF	ATACCAACTTGGT	ССССТТА	ATGAG	448
TrMDHe9	:	AAGGTTCGTCTTGGT	CGCGGTGGAGCA	TARGAGAT	ATATCAACTTGGT	CCCCTTA	ATGAG .	222
TrMDHe10	•	AAGGTTCGTCTTGGT	CGCGGTGGAGCA	GAAGAGAT	ATATCAACTTGGT	CCCCTTA	ATGAG	217
11.01.010	•	.210021002011002		3.2.3				
		*	1100	*	1120	*	1140	
TrMDHe1	:						:	-
TrMDHe2	:						:	_
TrMDHe3	:						:	_
TrMDHe4	:						:	-
TrMDHe5	:						:	_
TrMDHe6	:						:	-
TrMDHe7	:						:	_
TrMDHe8	:	TATGAGAGGATTGG	TTGGAAAAAGCG	AAGAATGA	GTTAGCGGGAAGC	CATCCAGA	AGGGA:	508
TrMDHe9	:	TATGAGAGGATTGGA						282
TrMDHe10	:	TATGAGAGGATTGGA						277

		*		1160	*		1180	*	1200		
TrMDHe1	:									:	-
TrMDHe2	:									:	-
TrMDHe3	:									:	-
TrMDHe4	:									:	-
TrMDHe5	:									:	-
TrMDHe6	:									. :	-
TrMDHe7	:									:	
TrMDHe8	:	GTAGAATTCA	TCAGAA	AATAAGTGAGA	TAAG	GAAAA	ATTAGTT	TTGTATTGNCT	CTTTCT	:	568
TrMDHe9	:	GTAGAATTCA'								:	306
TrMDHe10	:	GTAGAATTCA	TCAAAA	AAAAN						:	299
		*		1220	*						
TrMDHe1	:					: -	-				
TrMDHe2	:					: -	-				
TrMDHe3	:					: -	-				
TrMDHe4	:					: -	•				
TrMDHe5	:					: -	-				
TrMDHe6	:					: -	-				
TrMDHe7	:					: -	•				
TrMDHe8	:	ATATCTATAA	AGAACI	TGTGTAATAAT	TCC	: 598	3				
TrMDHe9	:					: -	•				•
TrMDHe10	:					: -	•				•

#### 167/241

TrMDHf	:	* 20 * 40 * 60 GNNTACNGCTATCNACCCTTCTTTCTTATACAATAATNATAGATAAATTCATCTGCTAAA	:	60
TrMDHf	:	* 80 * 100 * 120 TTATGGAGCCAAATTCAGATGCAAATCAACGAATCGCAAGAATCTCCGGCCACCTAAATC	:	120
TrMDHf	:	* 140 * 160 * 180 CTCCCAATTTCAAGATGAACATGGTGATTCTTTTGACAAGTTTCCATTGCCGTG	:	180
TrMDHf	:	* 200 * 220 * 240 CAAAAGGTGGAGCACCTGGATTCAAAGTTGCAATTTTAGGTGCTGGTGGCATAGGTC	:	240
TrMDHf	:	* 260 * 280 * 300 AACCTCTTTCAATGTTGATGAAGATGAATCCTTTGGTTTNAGTTCTTCATCTTTATGATG	:	300
TrMDHf	:	* 320 * 340 * 360 TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTCATATGGATACTGCTGCTGTTGTTC	:	360
TrMDHf	:	* 380 * 400 * 420 GAGGGTTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGTATGGATTTGGTAATCA	:	420
TrMDHf	:	* 440 * 460 * 480 TTCCTGCCGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGATCTCTTCAATATAAATG	:	480
TrMDHf	:	* 500 * 520 * 540 CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCAAAGCGATGTCCTAAGGCGATTGTCA	:	540
TrMDHf	:	* 560 * 580 * 600 ACGTGATTAGTAATCCGGTTAACTCCACTGTCCCCATTGCGGCTGAAGTTTTCAAAAGAG	:	600
TrMDHf	:	* 620 * 640 * 660 CCGGTACTTATGATCCCAAGAGACTTTTGGGAGTGACAATGCTTGATGTGGTTCGGGCCA	:	660
TrMDHf	:	* 680 * 700 * 720 ATACGTTTGTGGTGAAGTTCTTGGTCTTGATCCAAGGGATGTGGATGTCCCAGTTGTCG	:	720
TrMDHf	:	* 740 * 760 * 780  GAGGACATGCCGGAATCACCATTTTACCTCTGCTTTCTCAGGTTAAACCACATTCCTCTT	:	780
TrMDHf	:	* 800 * 820 * 840 TCACGACAAAGGAAATTGAGTACTTGACAGATCGCATACAAAACGGTGGAACTGAAGTTG	:	840
TrMDHf	:	* 860 TTGAGGCCAAAGCTGGAGCTGGCTCT : 866		

# FIGURE 70

		* 20 *	40	*	60		
TrMDHf	:	MEPNSDANQRIARISGHLNPPNFKMNEHGDSSLTSF	HCRAKGGAPGFK	VAILGAAGO	GIGQ	:	60
TrMDHf	:	* 80 * PLSMLMKMNPLVXVLHLYDVVNTPGVTSDISHMDTA	100 AVVRGFLGQNQL	* EDALTGMDI	120 LVII	:	120
TrMDHf	:	* 140 * PAGVPRKPGMTRDDLFNINAGIVKTLCEAIAKRCPK .	160 AIVNVISNPVNS	* TVPIAAEVI	180 FKRA	:	180
TrMDHf	:	* 200 * GTYDPKRLLGVTMLDVVRANTFVAEVLGLDPRDVDV	220 PVVGGHAGIT _I L	* PLLSQVKPI	240 HSSF	:	240
TrMDHf	:	* 260 . TTKEIEYLTDRIONGGTEVVEAKAGAGS : 268					

TrMDHf1 : TrMDHf2 : TrMDHf3 :	:	* 20 * 40 * 60 GNNTACNGCTATCNACCCTTCTTTCTTATACAATAATNATAGATAAATTCATCTGCTAAA	:	60 - -
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	:	* 80 * 100 * 120 TTATGGAGCCAAATCAGGAATCAACGAATCGCAAGAATCTCCGGCCACCTAAATC	:	120 - -
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	:	* 140 * 160 * 180 CTCCCAATTCAAGATGAACATGGTGATTCTTCTTTGACAAGTTTCCATTGCCGTG	:	180 - -
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	:	* 200 * 220 * 240 CAAAAGGTGGAGCACCTGGATTCAAAGTTGCAATTTTAGGTGCTGGTGGCATAGGTÜ	:	240 12 -
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	:	* 260 * 280 * 300  AACCTCTTTCAATGTTGATGAAGATGAATCCGTTGGTTT - AGTTCTTCATCTTTATGATG AGCCTCTTT-NATGTTGATGAAGATGAATCCTNTGGTTT - AGTTCTTCATCTTTATGATG TTTGGTTTNNGTTCTTNNGTTCTTATATGATG	:	299 70 29
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	: :	* 320 * 340 * 360  TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTCACATGGATACTGCTGCTGTTGTTC  TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTCATATGGATACTGCTGCTGTTGTTC  TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTTATTGGATACTGCTGCTGTTGTTC	:	359 130 86
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	: :	* 380 * 400 * 420  GAGGATTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGTATGGATTTGGTAATCA GAGGGTTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGTATGGATTTGGTAATCA GAGGGTTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGTATGGATTTGGTAATCA	: : :	419 190 146
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	: :	* 440 * 460 * 480 TTCCTGCTGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGATCTCTTCAATATAATG TTCCTGCCGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGATCTCTTCAATATAAATG TTCCTGCCGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGATCTCTTCAATATAAATG	: :	479 250 206
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	: :	* 500 * 520 * 540 CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCGAAGCGATGTCCTAAGGCGATTGTCA CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCAAAGCGATGTCCTAAGGCGATTGTCA CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCAAAGCGATGTCCTAAGGCGGTTGTCA	:	539 310 266
TrMDHf1 TrMDHf2 TrMDHf3	: :	* 560 * 580 * 600  ACGTGATTAGTAATCCGGTTAACTCCACTGTCC  ACGTGATTAGTAATCCGGTTAACTCCACTGTCCCCATTGCGGCTGAAGTTTTCAAAAGAG  ACGTGATTAGTAATCCGGTTAACTCCACTGTCCCCATTGCGGCTGAAGTTTTCAAAAGAG	:	572 370 326

			*	620	*	640	•	660		
TrMDHf1	:								:	_
TrMDHf2	:	CCGGTACT	TATGATCC	CAAGAGACTTTT	GGGAGTGA	CAATGCTTGATG'	TGGTTCGG	GCCA		430
TrMDHf3	:	CCGGTACT	TATGATCC	CAAGAGACTTTT	GGGAGTGA	CAATGCTTGATG'	IGGTTCGG	GCCA	:	386
			*	680	*	700	*	720		
TrMDHf1	:								:	-
TrMDHf2	:	ATACGTTT	GTGGCTGA	AGTTCTTGGTCT	TGATCCAA	GGGATGTGGATG	TCCCAGTT	GTCG	:	490
TrMDH£3	:	ATACGTTT	GTGGCTGA	AGTTCTTGGTCT	TGATCCAA	GGGATGTGGATG	TCCCAGTT	GTCG	:	446
			*	740		760	*	780		
TrMDHf1			*	740		760		780		_
TrMDHf1	:	CACCACAT	CCCCCAAT	CACCATTTACC	TOTOTOT	CTCAGGTTAAAC	CACATTCC	TO THE	Ė	550
TrMDHf3	:					CTCAGGTTAAAC		_		506
TIMDALS	•	GAGGACAI	GCCGGMAI	CACCATTTACC	10100111	CICAGGIIAMAC	Cricritico	ICII	•	500
			*	800	*	820	*	840		
TrMDHf1	:								:	
TrMDHf2	:			TGAGTACTTG						576
TrMDHf3	:	TCACGACA	AAGGAAAT	TGAGTACTTGAC	AGATCGCA	TACAAAACGGTG	GAACTGAA	GTTG	:	566
			*	860						
TrMDHf1	:			:	_					
TrMDHf2	:			:	-					
TrMDHf3	:	TTGAGGCC	AAAGCTGG	AGCTGGCTCT :	592					

			*	20	*	40	*	60		
TrMDhg	:	GTAGGCAGC	ATCTAACA	AGCACAATGAAC	ATGGAAAT	GTTTGCTTTGG	AATTATGG	ACAA	:	60
TrMDhg	:	TACGGTCCT	* TAAAAAAT	80 CTGTTCTTGTT	* TTATTTTG	100 FACTTTTTTGTT	* TTGGAAGA	120 TCGT	:	120
TrMDhg	:	TAGATACAT	* GTGTGGTC	140 TTCTCAAAGTT	* SATAAGGA	160 ACCAGTCACTGT	* CATTGGTCA	180 CTGG	:	180
TrMDhg	:	TGCTGCAGG	* ACAAATTG	200 GNTATGCTCTTC	* ENTCCAATO	220 GATTGCAAGAGG	* GATGATGC	240 TAGG	:	240
TrMDhg	:	CCCAAATCA	* ACCTGGAA	260 TTCTTCATATGO	* CTNGATAT	280 IGAACCAGGATI	* 'AGAGGCCC'	300 ITAA	:	300
TrMDhg	:	AGGGGTGAA	* GATGGAAC	320 TGATTGATGGTO	* GCTTTCCC	340 ACTTCTTAGAGG	* TGTTGTTG(	360 CTAC	<b>:</b> :	360
TrMDhg	:	TACGGATGT		380 CATGCAAGGATO	* FTTAACAT	400 FGCTGTTATGCT	* TGGTGGAT	420 CCCC	: -	420
TrMDhg	:	AAGGAAGGA		440 AAAGAAAAGATO	* FTAATGTCT	460 FAAGAATGTTTC	* 'AATTTACA!	480 AGGC	: 4	480
TrMDhg	:	TCAAGCTTC		500 AGGAGCATGCTG	* SCTGCAGAT	520 FTGTAAAGTGCT	* 'AGTGGTAG(	540 CCAA	: !	540
TrMDhq	:	TCCAGCAAA		560 CTCTAATATTGA	* \AAGAATT''	580 FGCTCCATCAAT	* 'CCCTGAGA	٠ ۵۵	5	99

#### 172/241

* 20 * 40 * 60

TrMDhg : MCGLLKVDKEPVTVLVTGAAGQIXYALXPMIARGMMLGPNQPGILHMXDIEPGLEALKGV : 60

* 80 * 100 * 120

TrMDhg : KMELIDGAFPLLRGVVATTDVVEACKDVNIAVMLGGSPRKEGMERKDVMSKNVSIYKAQA : 120

* 140 *

TrMDhg : SALEEHAAADCKVLVVANPANTNALILKEFAPSIPEK : 157

		*	20	*	40	*	60	
TrMDHg1 TrMDHg2		GTAGGCATCAGNNGGAT	TAACAGCACA <i>F</i> CTAACAG <mark>-</mark> ACA <i>F</i>	ATGAACATGGAA ATGAACATGGAA	ATGTTTGCTT ATGTTTGCTT	rggaaattato rggaaattato	GACAATA GACAATA	60 57
TrMDHg1 TrMDHg2	:	* CGGTCCTTAAA	80 AAATCTGTTCTT AAATCTGTTCTT	* GTTTTATTTC GTTTTATTTC	100 TACTTTTTTG TACTTTTTTG	* TTTTGGAAGAT TTTTGGAAGAT	120 CGTTAGA CGTTAGA	: 122 : 119
TrMDHg1 TrMDHg2	: :	* TACATGTGTGG	140 FCTTCTCAAAGT FCTTCTCAAAGT	TGATAAGGAAC	.60 CAGTCACTGT <i>I</i> CAGTCACTGT <i>I</i>	* 18 ATTGGTCACTG	GTGCTGC :	: 184 : 181
TrMDHg1 TrMDHg2	:	* AGGACAAATTGG	200 SNTATGCTCTTG S端TATGCTCTTG	* 220 NT∭CAATGATT ÄTCCAATGATT	GCNANAGGGAT	240 FGATGCTANGN FGATGCTAGGC	CCAAATC:	246
TrMDHg1 TrMDHg2	:	* 260 MACCTGMATTO AACCTGMAATTO	TTGATATGCTN	280 IGMTNTTG GATATTGAACC	* AGGATTAGAGO	300 GCCCTTAAAGG	* GGTGAAG	276 305
TrMDHg1 TrMDHg2		320 ATGGAACTGAT	* IGATGGTGCTT1	340 CCCACTTCTTA	* .GAGGTGTTGTT	360 IGCTACTACGG	* ATGTTGT :	367
		380 TGAAGCATGCAA	* AGGATGTTAACA	400 TTGCTGTTATG	* CTTGGTGGATC	420 CCCAAGGAAG	* GAAGGAA :	- 429
TrMDHg1 TrMDHg2		440 TGGAAAGAAAA	* GATGTAATGTCT	460 AAGAATGTTTC	* 48		* AGCTTTG:	- 491
TrMDHg1 TrMDHg2		500 GAGGAGCATGC	* 52 FGCTGCAGATTG		540 TGGTAGCCAAT	* CCAGCAAACA	5 : CAAATGC :	- 553
TrMDHg1 TrMDHg2	:	TCTAATATTGA	580 AAGAATTTGCTC	* CATCAATCCCT	GAGAAAA : 5	- 59 <b>4</b>		

# 174/241

		*	20	*	40	*	60		
TrMDHh	:	GNNTACNGCTATCNAC	CCTTCTTTCTTA:	TACAATAA'	TNATAGATAAA	TTCATCTGC'	<b>FAAA</b>	:	60
		*	80	*	100	*	120		
TrMDHh	:	TTATGGAGCCAAATTC	AGATGCAAATCA	ACGAATCG	CAAGAATCTCC	GGCCACCTA	AATC	:	120
		•	140	•	160	*	180		
ጥ <b>ታ</b> MቦህЬ		CTCCCAATTTCAAGAT		᠇ᢙᢧᡎᡙᠿᡎᡤ		ᡊ᠇ᡊᢗᢕᢧᡎᡴᢙᢕ			180
1111111111	•	CICCCAMIIICAMONI	OPELI CITICALI CO	101111011			0010	•	
					•				
		*	200	*	220	*	240		
TrMDHh	:	CAAAAGGTGGAGCACC	TGGATTCAAAGT'	TGCAATTT'	TAGGTGCTGCT	GGTGGCATA	GGTC	:	240
		*	260	*	280	*	300		
TrMDHh	:	AACCTCTTTCAATGTT	'GATGAAGA'TGAA'	TCCTTTGG'	TTTNAGTTCTT	CATCTTTAT	GATG	:	300
				_					
		*	320	*	340	*	360		250
TrMDHh	:	TTGTTAATACTCCTGG	TGTTACTTCTGA	TATTAGTC	ATATGGATACT	GCTGCTGTT	GTTC	:	360
				•					
•		*	380	*	400	*	420		
T≁MDUb		GAGGGTTTTTGGGGCA		 ממאיזימרארי					420
TIMDIII	٠	GAGGGTTTTTGGGGCA	AAAI CAGCIIGA	OGRIGORO	ITHOHOOIHIC	OAIIIGIA	AI OA	•	120
		*	440	*	460	*	480		
TrMDHh	:	TTCCTGCCGGTGTTCC		AATGACAA		TTCAATATA		:	480
	•								
			•						
		*	500	*	520	*	540		
TrMDHh	:	CCGGGATCGTTAAAAC	ACTCTGTGAAGC.	AATTGCAA.	AGCGATGTCC7	TAAGGCGATT	GTCA	:	540
		*	560 .	*	580	*	600		
TrMDHh	:	ACGTGATTAGTAATCC	GGTTAACTCCAC	TGTCCCCA	TTGCGGCTGA	AGTTTTCAAA	AGAG	:	600
			620	•	640	*	660		
T~MDUh		CCGGTACTTATGATCC		 ಇದ್ದಾಗ್ಗಡ್ಡಾಗಿ					660
TEMDAII	•	CCGGIACTIATGATCC	CAMBAGACIII	GGGAG1GA	CAMIGCIIGA.	1010011000	GCCA	•	000
		*	680	*	700	*	720		
TrMDHh	:	ATACGTTTGTGGCTGA		TGATCCAA		GTCCCAGTT		:	720
	Ī								
		*	740	*	760	*	780		
TrMDHh	:	GAGGACATGCCGGAAT	CACCATTTTACC	TCTGCTTT	CTCAGGTTAA	ACCACATTCC	TCTT	:	780
							_		
		*	800	*	820	*	840		
TrMDHh	;	TCACGACAAAGGAAAT	"IGAGTACTTGAC	AGATCGCA	TACAAAACGG!	IGGAACTGAA	GTTG	:	840
			860						
m-Mmrr.	_	TTGAGGCCAAAGCTGG		966					
TIMMUU	:	TIGNOCCHMMGCIGG	WARTINGCIFT:	000					

# FIGURE 76

TrMDHh	:	* MEPNSDANQRIARISGH	20	* DSSLTSFH	40 ICRAKGGAPGFKV	* 'AILGAAGO	60 SIGQ	:	60
						*			
TrMDHh	:	* PLSMLMKMNPLVXVLHL	00	* ISHMDTA	100 AVVRGFLGQNQLE		120 LVII	:	120
		*	1.42 U	*	160	*	180		180
TrMDHh	:	PAGVPRKPGMTRDDLFN	INAGIVKTLCEA	IAKRCPK	AIANAIRN DANN 21	LABTWWEAT	FKKA	•	100
TrMDHh	:	* GTYDPKRLLGVTMLDVV	200 RANTFVAEVLGL	* DPRDVDVI	220 PVVGGHAGITILI	* PLLSQVKPI	240 HSSF	:	240
TrMDHh	:	* TTKEIEYLTDRIQNGGI	260 EVVEAKAGAGS	: 268					

TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 20 * 40 GNNTACNGCTATCNACCCTTCTTCTTATACAATAATNATAGATA	* 60 AAATTCATCTGCTAAA	:	60  -
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 80 * 100 TTATGGAGCCAAATTCAGATGCAAATCAACGAATCGCAAGAATC	* 120 TCCGGCCACCTAAATC	:	120 - -
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	:	* 140 * 160 CTCCCAATTTCAAGATGAATGAACATGGTGATTCTTTGACA	* 180 AGTTTCCATTGCCGTG	:	180 - -
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 200 * 220 CAAAAGGTGGAGCACCTGGATTCAAAGTTGCAATTTTAGGTGCT	* 240 GCTGGTGGCATAGGTC GTGNCATAGGTN	:	240 12 -
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 260 * 280  : AACCTCTTTCAATGTTGATGAAGATGAATCCGTTGGTTT-AGTT : ACCCTCTTT-MATGTTGATGAAGATGAATCCTATTGGTTT-AGTT :	* 300 CTTCATCTTTATGATG CTTCATCTTTATGATG CTTÄTNCTTTATGATG	:	299 70 29
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 320 * 340  : TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTCAGATGGAT  : TTGTTAATACTCCTGGTGTTACTTCTGATATTAGTCATATGGAT  : TTG-TAATACTCCTGGTG-TACTTCTGATATTAGT-ATATGGAT	ACTGCTGCTGTTGTTC	: :	359 130 86
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 380 * 400  : GAGGATTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGT  : GAGGGTTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGT  : GAGGGTTTTTGGGGCAAAATCAGCTTGAGGATGCACTTACAGGT	ATGGATTTGGTAATCA	: ;	419 190 146
TrMDHhl TrMDHh2 TrMDHh3	:	* 440 * 460  : TTCCTGCIIGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGAT  : TTCCTGCCGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGAT  : TTCCTGCCGGTGTTCCCCGTAAACCTGGAATGACAAGAGATGAT	CTCTTCAATATAAATG	: :	479 250 206
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	* 500 * 520  : CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCGAAGCGATGT : CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCAAAGCGATGT : CCGGGATCGTTAAAACACTCTGTGAAGCAATTGCAAAGCGATGT	CCTAAGGCGATTGTCA	: :	539 310 266
TrMDHhl TrMDHh2 TrMDHh3	:	* 560 * 580  : ACGTGATTAGTAATCCGGTTAACTCCACTGTCC		: :	572 370 326

TrMDHh1			*	620	*	640 		660
TrMDHh2 TrMDHh3	:					CAATGCTTGATGI CAATGCTTGATGI		
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	:					700 GGATGTGGATGT		
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :	GAGGACATO	* GCCGGAAT(	740 CACCATTTTACC	* CCTGCTTT(	760 CTCAGGTTAAACC	* CACATTCC	780 : - CCTT : 550
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: :			800 IGAGTACTTG IGAGTACTTGACA	* 	820 TACAAAACGGTGO	* SAACTGAA	840 : - : 576 GTTG : 566
TrMDHh1 TrMDHh2 TrMDHh3	: : :	TTGAGGCC	* AAAGCTGG	860 :: AGCTGGCTCT:	- - 592			

#### 178/241

		* 20 * 40 *	60		
TrMDHi	:	: GNAATCCTCTTTGNCTCCCCTACCCTCCTTTTTTTCCTTCCTTCCTTAC	CCTTCTCTTA	:	60
		* 80 * 100 *	120		
TrMDHi	:	: TCAACTTTCCACCTCTGAACAAAACTTCAATCTTTTCTCATTTTCTTATA	CCCTTTTACA	:	120
TrMDHi	:	* 140 * 160 * : AACTTCTTCATAAAGTGTTAGGTTTTTTTTTTTTTTTTT	180 CACAAAAACAG	:	180
			740		
TrMDHi	:	* 200 * 220 * : TGTTTCTTGAATTCTTTGGAATTTTTTTTTTTCCTGCAACCATGGCCTTGC	240 GCACACTTAAA	:	240
		* 260 * 280 *	300		
TrMDHi	:	: CAACCCCACTTGCTCAAAAACTCAACTTCACTCATCACAACTCTCATTTC	TCTCTAGGAC	:	300
TrMDHi	:	* . 320 * 340 * : TCTCCCTAGGCAATATCACTGTACTTTTTGCACCACTTCACAGAACTCAAG	* 360 CATGGCAGAAT	:	360
TrMDHi	:	* 380 * 400 * : TACTTGTTCTGTTGCACCAAATCAAGTGCAGGCTCCAGCTGTACAATCAG	* 420 CAGGATCCCAA	:	420
		* 440 * 460	* 480		
TrMDHi	:	: GAATAAGCCTGATTGCTATGGTGTCTTCTGCCTTACCTATGATTTGAAGC	3CTGAAGAGGA	:	480
TrMDHi	:	* 500 * 520 : GACAAAATCCTGGAAGAAATTAATCAACATTGCAGTCTCAGGTGCTGCTC	* 540 GAATGATTTC	:	540
TrMDHi	:	* 560 * 580 : CAATCATCTACTTTTCAAGCTTGCATCTGGTGAAGTTTTTGGCCCAAATC	* 600 CAACCTATTGC	:	600
-		* 620 * 640			
TYCDM~TT	•	• GCTGAAATTATTAGGATCAGAAAGGTCCTTCCAAGCTCTTGAAGGTG :	647		

#### FIGURE 79

#### 179/241

* 20 * 40 * 60 TrMDHi: MALAHLNNPTCSKTQLHSSQLSFLSRTLPRQYHCTFAPLHRTQHGRITCSVAPNQVQAPA: 60

* 80 * 100 * 120

TrMDHi : VQSQDPKNKPDCYGVFCLTYDLKAEEETKSWKKLINIAVSGAAGMISNHLLFKLASGEVF : 120

* 140

TrMDHi : GPNQPIALKLLGSERSFQALEG : 142

		<u>* 20 * 40 * 60</u>		
TrMDHi1 TrMDHi2	:	GNAATCCTCTTTGNCTCCCCTACCCTCCTTTTTTTTCCTTCCTTCTTACA-CTTCTCTTGT	:	60 19
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 80 * 100 * 120 CAACTTTCCACCTCTGAACAAACTTC#ATCTTTTCTCATTTTCTTATACCCTTTTAGAAA -AACTTTC#ACCTCTGAAC#AAA-TT-AATCTTTTCT-ATTTTCTTATACCCTTTTACAAA	:	121 76
TrMDHil TrMDHi2	:	* 140 * 160 * 180 CTTCTTCATAAAGTGTTATTTTTTTTTTTTTTTCTCAAGAATCACAAAACAGTGT CTTCTTCATAAAGTGTTGGGTTTTTTTTTT	:	180 137
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 200 * 220 * 240  TTCTTGAATTCTTTGHAATTTTTTTTTTCCTGCAACCATGGCCTTGGCACAGTTAAACAAT  TTCTTGAATTC TTGGAA TTTTTTTTTTCCTGCAACCATGGCHTTGGCACACTTAAACAAC	: :	241 196
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 260 * 280 * 300  CCCACTTGCTCAAAAACTCAACTTCACTCATCACAACTCTCATTTHTGTCTAGGACTCTCC  CCCACTTGCTCAAAAACTCAACTTCAHTCATCACAĞCTCTCATTTCTCTCTAGGACTCTCC	:	302 257
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 320 * 340 * 360 CTAGGCAATATCACTGTACTTTTGCACCACTTCACAGAACTCAACATGGCAGAATTACTTG CTAGGCAATATCACTGTACTTTTGCACCACTTCACAGAACTCAACATGGCAGAATTACTTG	:	363 318
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 380 * 400 * 420 TTCTGTTGCACCAAATCAAGTGCAGGCTCCAGCTGTACAATCACAGGATCCCAAGAATAAG TTCTGTTGCACCAAATCAAGTGCAGGCTCCAGCTGTACAATCACAGGATCCCAAGAATAAG	:	424 379
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 440 * 460 * 480 CCTGATTGCTATGGTGTCTTCTGCCTTACCTATGATTTGAAGGCTGAAGAGGAGACAAAAT CCTGATTGCTATGGTGTCTTCTGCCTTACCTATGATTTGAAGGCTGAAGAGGAGACAAAAT	:	485 440
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 500 * 520 * 540 CCTGGAAGAAATTAATCAACATTGCAGTCTCAGGTGCTGCTGGAATGATTTCCAATCATCT CCTGGAAGAAATTAATCAACATTGCAGTCTCAGGTGCTGCTGGAATGATTTCCAATCATCT	:	546 501
TrMDHi1 TrMDHi2	:	* 560 * 580 * 600 * ACTTTTCAAGCTTGCATCTGGTGAAGTTTTTGGTCCAAATCAACCTATTGCGCTGAAATTA	:	602 562
TrMDHi1 TrMDHi2		620 * 640  TTAGGATCAGAAAGGTCCTTCCAAGCTCTTGAAGGTG : 599		

		*	20	*	40	*	60		
rrMDHj	:	GCAAAGCNCT	CNCNGACCTGGT	GTGGAGCGAG	CAGCTTTGC	TAGACATAAAT	3GGCAGAT	:	60
rrMDHj	:	* TTTTGCGGAG	80 CAGGGAAAAGCT	* CTAAATGCAG	. 100 STCGCATCTC	* GCAATGTCAAA	120 GTTATAGT	:	120
rrMDHj	:	* TGTGGGAAAC	140 CCTTGCAATACA	* AATGCATTAA	160 ATATGCTTGA	* AGAATGCTCCA	180 AATATTCC	:	180
rrMDHj	:	* TGCAAAAAAT	200 FTTCATGCTTTA	* ACCCGTTTAC	220 SATGAGAACA	* GAGCAAAATGT	240 CAGCTAGC	:	240
TrMDHj	:	* CCTCAAGGCA	260 GGTGTCTTCTAC	* GATAAAGTG:	280 FCGAATATGA	* CGATATGGGGA	300 AACCACTC	:	300
TrMDHj	:	* AACTACTCAG	320 GTCCCCGATTTC	* TTAAATGCC!	340 AGAATCGATG	* GTTTGCCTGTC	360 TDAAGAAA	:	360
TrMDHj	:	* GATTAAGGAT	380 CAAAAGTGGTTA		400 FTCACCGAAA	* AAGTTCAAAAG	420 AGAGGTGG	:	420
TrMDHj	:	*CGTGCTTATT	440 CAAAAGTGGGGA	* AGATCGTCTC	460 SCTGCATCAA	* CTTCTGTGTCG	480 ATAGTTGA	:	480
TrMDHj	:	* TGCCATACGA	500 TCTTTGATCACT	* CCTACTCCG	520 GAGGGTGATT	* GGTTTTCTACT:	540 GGTGTGTA	:	540
E~MDU≟		*	560	<b>አ</b> ሞልሮርፕሮ •	569				

TrMDHj	:	* QSXXXPGVERAALLDING	20 GQIFAEQGKALN	* IAVASRNVK	40 VIVVGNPCNTN	* ALICLKNAP	60 NIP	:	60
TrMDHj	:	* AKNFHALTRLDENRAKCÇ	80 QLALKAGVFYDF	* CVSNMTIWG	100 NHSTTQVPDFL		120 KEV	:	120
TrMDHj	:	* IKDQKWLEEEFTEKVQK	140 RGGVLIQKWGRS	* SSAASTSVS	160 SIVDAIRSLITP		180 GVY	:	180
TrMDHj	:	TAGNPYGIA : 189							

#### 183/241

			*	20	*	40	*	60		
TrMDHk	:	GNGTAGAA	CCCGTGAA	GCCTTTTCCCTC	CGGTCTCC		GTCGCCGTC		:	60
TrMDHk	:	GCTGCTTG	* TGTCGTCG	80 CCTCCAGCTCCT	* CCTCCTCC	100 ACTGTGCCAAC	* CGAATTACA	120 AACC	:	120
TrMDHk	:	ТАААААА	* GGCGACTT	140 GTTTGCAAACAC	* AACTCCTC	160 CACACAAGACC	* TTTTCAGTT	180 TCGG	:	180
TrMDHk	:	TCTTCCTC	* GTCGACAA	200 GACCAACTTCCC	* TAAGATGT	220 TCCGCCGCCAC	* CCCATCCAC	240 CAAA	:	240
TrMDHk	:	AAATCCTA	* .CAAAATCA	260 CTCTTCTTCCGG	* GTGATGGC	280 ATAGGTCCTGA	* AGTCGTTTC	300 CGTC	<b>:</b> .	300
TrMDHk	:	GCTAAAGA	* .CGTTCTTC	320 TCCTCACTGGAT	* CCATCCAT	340 GGGATTAAACT	* TGAGTTTCA	360 AGAG	:	360
TrMDHk	:	AAGCTTTT	* GGGTGGTG	380 CTGCTCTTGATG	* CTACTGGA	400 GTTCCTTTACC	* TGATGATAC	420 TCTT	:	420
TrMDHk	:	TCTGTTGC	* TAAGCAAT	440 CTGATGCTGTTC	* TTCTTGGT	460 GCTATTGGAGG	* GTATAAATG	480 GGAT	:	480
TrMDHk	:	AAAAATGA	* .GAAACAGC	500 TGAAGCCAGAAA	* CTGGATTG	520 CTTCAGCTACG	* AGAAGGCT	540 TCAA	:	540
TrMDHk	:	GTTTTTGC	* TAATCTCA	GA : 558						

FIGURE 84

#### 184/241

* 20 * 40 * 60

TrMDHk: MATCLQTQLLHTRPFQFRSSSSTRPTSLRCSAATPSTKKSYKITLLPGDGIGPEVVSVAK: 60

* 80 * 100 * 120

TrMDHk: DVLLLTGSIHGIKLEFQEKLLGGAALDATGVPLPDDTLSVAKQSDAVLLGAIGGYKWDKN: 120

* 140

TrMDHk : EKQLKPETGLLQLREGLQVFANLR : 144

## 185/241

			*	20	*	40	*	60		
TrPEPCa	:	GNNACATT	NCCGAATGO	TGCTGAACTAGG	GAGTGATT	CCCTTGGAGC	CTATGTCAT	CTCT	:	60
	•									
		•	*	80	*	100	*	120		
TrPEPCa	:	ATGGCCTC	AAGTGCAAG	CGATGTCCTTGC	CAGTAGAG	CTTTTACAGAA	GGATGCACG ^o	TCTT	:	120
	•									
			*	140	*	160	*	180		
TrPEPCa	:	ACAGTTTG	TGGAGAATI	AGGAAGAGCATC	TCCGGGT	GGAACGCTTCG	GGTGGTTCC'	TCTA	:	180
1111100	Ť									
			*	200	*	220	*	240		
ጥተ₽ፎ₽Ca		TTTGAAAC	TGTGCAAG	CCTGAGAGGAG	TGGTGCA	GTTATCAGAAA	ACTTTTATC	AATC	:	240
ILLEICG	•	111011110								
			*	260	*	280	*	300		
T*DEDC=		<b>ሪኔ</b> ምፕ <mark>ሪ</mark> ርጥኔ	CCCCCAAC	ACATCATTAAGA	ACCATAAC	GGACACCAAGA	GGTTATGGT	CGGT	:	300
ILFEFCA	•	G/11/1001/								
			*	320	*	340	*	360		
TrPEPCa		עטיייטייים	ጥጥርጥርርሞኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒኒ	AAGATGCCGGGC	CTTTACT	GCTGCTTGGGA	ACTTTACAA	AGCT	:	360
Trebeca	•	IMITOION								
					•					
			*	380	*	400	*	420		
TrPEPCa		CAAGAGGA	ጥርሞ <b>አ</b> ርጥርር	CTGCTTGCAATA	AGTACGAT		TTTGTTCCA	CGGC	:	420
TEPEPCA	•	CAMGAGGA	retreree.	CICCIICMBIII						
			*	440	*	460	*	480		
mDEDG-	_	ccccasco		GACGTGGCGGAG	GCCCAACA		TCAGTCCCA	GCCA	:	480
TIPEPCa	•	CGCGGAGG	GAGIATIO	BACGIOCCOCHO!	0000					
•										
			•	500	*	520	*	540		
mDrand-	_	CCTCCCTTC	 ግጥር ጥር አ ጥር ርረ	GAACCCTTCGGT	СУУСТСУС		rGGTGCAGGC	CGAG	:	540
TrPEPCa	:	CCIGGCIC	JIGIGALGG	GRACCCI I CCCI	C111.C2 C1.1C				-	
		•								
			*	560	*	580	*	600		
TrPEPCa		mmmacaani		CAGCAGTTAGAC	<u>ል</u> ልርጥጥርልል		CAGCTGTGCT	ACTT	:	600
TIPEPCA	•	1116661.	IGCCACAGA	CHOCHOLLHOIL						
			*	620	*	640	*	660		
TrPEPCa	_	COTACAC	- マホムはホムムマ	CACTCCCACCTC	GAGAAGAA		ATCTAATGG			660
TIPEPCA	•	GCINCAC	JI COI COMC							
			*	680	*	700	*			
T~DEDCa		א מווואנוווירוי א	አ አ አ ጥር አ ርታጥጥ	GTCAGTCCTACC			ATCCAGN :	713		

## FIGURE 86

TrPEPCa	:	* XTXPNAAELGSDSLGAY	20 VISMASSASDVI	* LAVELLQKI	40 DARLTVCGELGR	* ACPGGTLRV	VPL	:	60
TrPEPCa	:	* FETVQDLRGAGAVIRKI	80 SIDWYRQHII	* KNHNGHQE	100 VMVGYSDSGKDAG		120 YKA	:	120
TrPEPCa	:	* QEDVVAACNKYDTKVTI	140 FHGRGGSIGRG	* GGPTYLAI(	160 QSQPPGSVMGTL		180 QAE	:	180
TrPEPCa	:	* FGLPOTAVROLEIYTT	200 VLLATRRPPLP	* PREEKWRN	220 LMEDXSKISCQS	* YRSVVYENE	': 2	37	,

	*	20	*	40	*	60		
TrPEPCal :	GNNACATTNCCGAAT	GCTGCTGAACTA	AGGGAGTGA	ATTCCCTTGGA	CCTATGTCAT	CTCT	:	60
TrPEPCa2 :							:	-
TrPEPCa3							:	-
	*	80	*	100 .	*	120		
TrPEPCal	ATGGCCTCAAGTGCA		GCAGTAGA		AAGGATGCACG		:	119
TrPEPCa2				CTTTTACAG			:	27
TrPEPCa3				AGCTTTTACAG	<b>AMGGATGCACG</b>	TCTT	:	26
		140		160		100		
TrPEPCa1	CPGGTATTGGAGAG	140	ATGTCCRG	160 TCGAACGTTE	CCCTTCTCC	180		179
TrPEPCa2	ACAGTTTGTGGAGAA						:	87
TrPEPCa3	ACAGTTTGTGGAGAA						:	86
•	V <del></del>							
mentings 1	* ************************************	200	*	220	* * 7 7 COOTTO 7 OC	240		239
TrPEPCa1	TTTGAAACTGTGAA.							239 147
TrPEPCa3	TTTGAAACTGTGCAA					_		146
	*	260	*	280	*	300		
TrPEPCa1	: GAGTGGTACCGTGA		Redd	his had		444		299 .
TrPEPCa2 TrPEPCa3	: GATTGGTACCGCCAA					_		207 206
TIPEPCAS	GATIGGIACCGCCAF	ACACAICALIAA	SAACCAIA	ACGGACACCAA	3AGG11A1GG1	CGGI	•	206
	*	320	*	340	*	360		
TrPEPCa1	: TATTCTGATTCGGGT							359
TrPEPCa2	: TATTCTGATTCTGGT							267
TrPEPCa3	: TATTCTGATTCTGGT	PAAAGATGCCGG	GCGCTTTA	CTGCTGCTTGG	JAACTTTACAA	AGCT	:	266
	*	380	*	400	*	420		
TrPEPCa1	: CAGGAGGATGTTGT	GCTGCTTGCAA'	TGATTATG	TAUTAAAGTT.	ACAGTGTTTCA	<b>T</b> GGC	:	419
TrPEPCa2	: CAAGAGGATGTAGTC							327
TrPEPCa3	: CAAGAGGATGTAGT	GGCTGCTTGCAA'	TAAGTACG/	ATACTAAGGTT.	ACTTTGTTCCA	CGGC	:	326
	*	440	*	460	*	480		
TrPEPCa1	: CGTGGAGGCAGTAT	rggijcgaggtigg	IGGCCCTA	CATATCTGGCT	ATTCAGTCCCA	ACCA	:	479
TrPEPCa2	: CGCGGAGGGAGTAT	rggacgtggcgg.	AGGCCCAA	CATATCTGGCT.	ATTCAGTCCCA	GCCA	:	387
TrPEPCa3	: CGCGGAGGGAGTAT	rggacgtggcgg.	AGGCCCAA	CATATCTGGCT.	ATTCAGTCCCA	GCCA	:	386
	*	500 .	*	520	*	540		
TrPEPCal	: CCTGGGTCTGTGAT		GTCTACTG		ATGGTAGAGGC		:	539
TrPEPCa2	: CCTGGCTCTGTGATC	GGGAACCCTTCG	GTCAACTG	AGCAGGGAGAG	ATGGTGCAGGC	CGAG		447
TrPEPCa3	: CCTGGCTCTGTGAT	GGAACCCTTCG	GTCAACTG	AGCAGGGAGAG	ATGGTGCAGGC	CGAG	:	446
		560	*	580	*	600		
TrPEPCa1								576
	: TTTGGGTTGCCACAC				ACAGCTGTGCT	ACTT		507
TrPEPCa3								506

		*	620	*	640	*	660		
TrPEPCa1 TrPEPCa2 TrPEPCa3	:		CCACCACTCCCA( CCACCACTCCCA(					:	567 566
TrPEPCa1	:	*	680	*	700	*	: -		
TrPEPCa2 TrPEPCa3	:	ATN ATNTCAAAAATC	AGTTGTCAGTCC	TACCGCAGTGT	AGTCTATGA	AATCCAGN	: 570 : 619		

		* 20	*	40	*	60		
TrPEPCb	:	GNAAGGGACAAGCTCTATCGTACTCGT	rgagcgg'	TCTCGCTATCTCT	TAGCTCAT	GGCTAT	:	60
TrPEPCb	:	* 80 TCTGAAATTCCTGAAGAAGCCACATTC	* CACCGAT	100 GTTGATGAGTTCI	* ITGGAACCT	120 CTTGAA	:	120
rrpepcb	:	* 140 CTATGCTACAGATCACTCTGTGCTTGT	* rggtgat	160 CGTGCGATTGCCC	* }ATGGAAGC	180 CTTCTT	:	180
[rPEPCb	:	* 200 GATTTCTTGAGGCAAGTTTCCACTTT	* rggactg	220 FTCACTGGTAAGA	* CTTGATATA	240 AGGCAA	:	240
TrPEPCb	:	* 260 GAGTCAGATCGTCACACGGACGTGATC	* GOTGCC	280 CATTACCAAACAT	* CTGGAAATT	300 GGATCC	:	300
TrPEPCb	:	* 320 TACCAAGACTGGTCTGAAGAAAAAAG	* ACAGGAA	340 ATGGCTTTTGTCT(	* BAGTTGGTT	360 GGCAAA	:	360
TrPEPCb	:	* 380 AGGCCGCTTTTTGGACCTGACCTACCT	* TCAAACC	400 CGATGAAATTAGA	* GAAGTTTTA	420 AGAGACA	:	420
TrPEPCb	:	* 440 TTTCATGTCATAGCAGAACTTCCATC	* AGACAAC	460 CTTTGGAGCCTAT	* ATCATTTC	480 EATGGCA	:	480
TrPEPCb	:	* 500 ACTGCCCCGTCTGATGTGCTAGCGGT	* TGAACTI	520 CCTTCAACGTGAA	* TGCAAAAT(	540 CAAGAAT	:	540
TrPEPCb	:	* 560 CCGTTAAGAGTTGTTCCGTTGTTTGA	* .GAAACT'.	580 IGCTGATCTCGAG	* TCTGCTCCI	rgctg :	59	98

rpepcb	:	* XRDKLYRTRER	20 SRYLLAHGYSEI	* PEEATFTDVDEF	40 FLEPLELCYR	* SLCACGDRAIA	60 DGSLL	:	60
rrPEPCb	:	* DFLRQVSTFGL	80 SLVRLDIRQESD	* RHTDVMDAITKF	100 £LEIGSYQDW	* SEEKRQEWLLS	120 ELVGK	:	120
TrPEPCb	:	* RPLFGPDLPQT	140 DEIREVLETFHV	* 'IAELPSDNFGA'	160 YIISMATAPS	* DVLAVELLQRE	180 CKIKN	:	180
でてひだりぐわ		*	ADLESAPA : 1	.99					

			*	20	*	40	*	60		
TrPEPCb1		GNAAGGG	ACAAGCTC	TATCGTACTCGT	<b>FGAGCGGTC</b>	TCGCTATCTCTT	AGCTCATG	COTAT		60
TrPEPCb2	:	GAAGGG	ACAAGCTC	TATCGTACTCGT	rgagcggtc	TCGCTATCTCTT	AGCTCATG	GCTAT	:	60
			+	80						
TrPEPCb1	:	TCTGAAA	TTCCTGAA		A ACCOMPON	100 TGATGAGTTCTT	*	120		
TrPEPCb2	:	TCTGAAA	TTCCTGAA	GAAGCCACATTC	CACCGATGI	TGATGAGTTCTT TGATGAGTTCTT	GGAACCTC	ITGAA	:	120
						TOATGAGIICII	GGAACCIC	LIGAA	:	120
manna a		C#2 #C C	*	140	*	160	*	180		
TrPEPCb1 TrPEPCb2	:	CTATGCT	ACAGATCA	CTCTGTGCTTGT	GGTGATCG	TGCGATTGCCGA	TGGAAGCC	TTCTT	:	180
11FEFCD2	•	CIAIGCI.	ACAGATCA	CICIGIGCIIGI	GGTGATCG	TGCGATTGCCGA	TGGAAGCC	FTCTT	:-	180
			*	200	*	220	*	240		
TrPEPCb1	:	GATTTCT	TGAGGCAA	TTTCCACTTT	GGACTGTC.	ACTGGTAAGACT	TGATATAAC	CCAA	١.	240
TrPEPCb2	:	GATTTCT"	TGAGGCAA	GTTTCCACTTTT	GGACTGTC.	ACTGGTAAGACT	TGATATAA	GCAA		240
			*	260						
TrPEPCb1		GAGTCAG			* CATCCCATI	280 TACCAAACATTT	*	300		
TrPEPCb2	:	GAGTCAG	ATCGTCAC	CGGACGTGATG	GATGCCAT GATGCCAT'	TACCAAACATTT TACCAAACATTT	GGAAATTGG	ATCC	:	300
					GIII GCCAI	IACCAAACAIII	GGAAA I TGC	ATCC	:	300
Man Dan Cala			*	320	*	340	*	360		
TrPEPCb1	:	TACCAAGA	ACTGGTCTC	BAAGAAAAAAGA	CAGGAATG	GCTTTTGTCTGA	GTTGGTTGG	CAAA	:	360
I DE EFCOZ	٠	IACCAAGA	ACIGGICIC	BAAGAAAAAAGA	CAGGAATG	GCTTTTGTCTGA	GTTGGTTGG	CAAA	:	360
			*	380	*	400	*	420		
TrPEPCb1	:	AGGCCGCT	TTTTGGAC	CTGACCTACCT	CAAACCGA	TGAAATTAGAGA:	AGTTTTAGA	CACA		420
TrPEPCb2	:	AGGCCGCT	TTTTGGAC	CTGACCTACCT	CAAACCGAT	rgaaattagaga:	AGTTTTAGA	GACA		420
			*	440		4.50				
TrPEPCb1		TTTCATGT	CATAGCAG		2 A C A A C T T T	460 IGGAGCCTATAT(	*	480		
TrPEPCb2	:	TTTCATGI	CATAGCAG	AACTTCCATCA	GACAACTT1 GACAACTT1	GGAGCCTATAT(	LATTICGAT LATTICGAT	GGCA		480
						Obligee Immire	LATITOMI	CGCA	•	480
TrPEPCb1		ACTICICACIO	*	500	*	520	*	540		
TrPEPCb2		ACTGCCCC	GTCTGATG	TGCTAGCGGTT(	JAACTTCT1	CAACGTGAATG	CAAAATCAA	GAAT		540
	•		GICIGAIG	IGCINGCGGTT(	SAACTTCT"	CAACGTGAATG	CAAAATCAA	GAAT	:	540
			*	560	*	580	*			
TrPEPCb1	:	CCGTTAAG	AGTTGTTC	CGTTGTTTGAGA	AAACTTGCT	GATCTCGAGTCT	GCTCCTGC	re :	59	8
TrPEPCb2	:	CCGTTAAG	AGTTGTTC	CGTTGTTTGAGA	AACTTGCT	GATCTCGN			58	_

		*	20	*	40	*	60		
TrPEPCc	:	GTCACATGACAAACN	ATATCTCCCTTTC	TCTAACTC	CGTGATCAAGG	CGTTAGTTA	GTTA	:	60
TrPEPCc	:	* CACAAATTGCTGTTAG	80 GTTTCGTTGTAC	* TTTCCCGT	100 GCAATCCATAG	* FTATCTTGGA	120 GGAA	:	120
TrPEPCc	:	CAAACTAGATTTTCC	140 ACCTAGGTCGTCA	.CGAGATTT	160 TCCTCTTCACT	* CATTTTTCTT	180 TTTC	:	180
		; *	200	*	220	*	240		
TrPEPCc	:	ATATAATAACTCAAC				ACACAAATTT		:	240
		*	260	*	280	*	300		
TrPEPCc	:	CATTATGGCTACTCC	CGCAACATTGAA	AAAATGGC	TTCAATTGAT(	CTCAATTGA	GACT	:	.3.00
TrPEPCc		* ACTAGCACCAAGGAA	320 አረምምምርምርልምርልጥ	* የርእጥልእ <b>እ</b> ርጥ	340 TGTCGAGTAT	⋆ ኌ₯ጒጕጕጕጕጏጚ	360 TATT		360
TIPEPCC	•	ACIAGCACCAAGGAA	AGIIICIGAIGAI	CAIAAACI	IGICGAGIAIC	AIGCIIIGI	1711	•	300
TrPEPCc	:	* GGATCGATTCCTTGAG	380 CATTCTTCAAGAT	* TTGCATGG	400 AGAAGATATC	* AGACAAACTG	420 TTCA	:	420
TrPEPCc	:	* AGATTGTTATGAGTT	440 ATCGGCAGAGTAI	* CAAGGGGA	460 GCTTAAGCCG	* EAGAAATTGG	480 AGGA	:	480
		*	500	*	520	*	540		
TrPEPCc	:	ACTTGGGAATATGCT		GCTGGAGA		ATAGCAAAAT		:	540
		*	560	*					
MDEDO-	_		אינוייתור) ע ע עראירוייבוייר	シインアインス イブトア	. 676				

* 20 * 40 * 60
TrPEPCc: MATPRNIEKMASIDAQLRLLAPRKVSDDDKLVEYDALLLDRFLDILQDLHGEDIRQTVQD: 60

* 80 * 100 * TrPEPCc : CYELSAEYEGELKPEKLEELGNMLTGLDAGDSIVIAKSFSHMLNLANLAE : 110

		*	20	*	40	*	60		
TrPEPCc1	:	GTCACATGACTNAC	TATATCTCCCT	TTCTCTAAC:	CCGTGATCA	AGGCGTTAGTT	A CHITA		60
TrPEPCc2	:	TGACAAAC	NATATCTCCCT	TTCTCTAAC:	CCGTGATCA	AGGCGTTAGTT	AGTTA		54
TrPEPCc1		CACAAATTCCTCTT	80	*	100	*	120		
TrPEPCc2	:	CACAAATTGCTGTT CACAAATTGCTGTT	AGGIIICGIIG AGGTTTCGTIG	TACTITICCCC	FIGCAATCCA	TAGTATCTTGG	AGGAA	:	120
			110011100110	IACITICCCC	IGCAAICCA	TAGTATCTTGC	AGGAA	:	114
		*	140	*	160	*	180		
TrPEPCc1	:	CAAACTAGATTTTC	CACCTAGGTCG	TCACGAGATT	TTCCTCTTC	ACTATTTTCT	TTTTC	:	180
TrPEPCc2	:	CAAACTAGATTTTC	CACCTAGGT	TCACGAGATT	TTCCTCTTC	ACTATTTTCT	TTTTC	:	174
		*	200	*	220				
TrPEPCc1	:	ATATAATAACTCAA		GCTACTTACT	ZZU PAGTACTCTC	~ ~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~	240		240
TrPEPCc2	:	ATATAATAAÏTCAA	CACTTTTTCTA	GCTACTTACT	AGTACTGTG	TAACACAAATT TAACACAAATT	TTATT	÷	240 234
							- 1111 1	·	234
TrPEPCc1		CATHATICACHA CHC	260	*	280	*	300		
TrPEPCc2		CATTATGGCTACTCC CATTATGGCTACTCC	CTCGCAACAT <u>T</u> (	GAAAAAATGG	CTTCAATTG	ATGCTCAATTG	AGACT	:	300
dr 005	•	CHITAIGGCIACIC	CICGCAACAII	JAAAAAATGC	CITCAATTG	ATGCTCAATTG	AGACT	:	294
						•			
		*	320	*	340	*	360		
TrPEPCc1	:	ACTAGCACCAAGGA	AAGTTTCTGAT	GATGATAAAC	TTGTCGAGTA	ATGATGCTTTG	ጥጥ አ ጥጥ	:	360
TrPEPCc2	:	ACTAGCACCAAGGA	AAGTTTCTGAT(	GATGATAAAC	TTGTCGAGT	ATGATGCTTTG	TTATT	:	354
		*	380		400				
TrPEPCc1	:	GGATCGATTCCTTG		ЗАТТТССАТС	GAGAAGATAT	~ ~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~	420		400
TrPEPCc2	:	GGATCGATTCCTTGA	ACATTCTTCAAC	SATTTGCATG	GAGAAGATAT	CAGACAAACT	GTTCA	:	420 414
							orrer.	•	474
TrPEPCc1		* ^ ^ \	440	*	460	*	480		
TrPEPCc2	:	AGATTGTTATGAGT1 AGATTGTTATGAGT1	LATCGGCAGAG1	'A'I'GAAGGGG	AGCTTATGCC	GGAGAAATTG	GAGGA	-	480
		.10111101111111111111111111111111111111	TATCOOCAGAGI	AIGAAGGGG	AGCTTAAGCC	GGAGAAATTG(	GAGGA	:	474
		*	500	*	520	*	540		
TrPEPCc1	:	ACTTGGGAATATGCT	TACTGGTCTTC	ATGCTGGAG.	ATTCTATTGT	TATAGCAAAA	TO A TITLE	:	540
FrPEPCc2	:	ACTTGGGAATATGCT	TACTGGTCTTC	ATGCTGGAG.	ATTCTATTGT	TATAGCAAAA:	CATT	:	534
		*	560	*					
FrPEPCc1	: 1	TTCTCATATGCTTAA		TGGCAGAGN	: 575				
TrPEPCc2		m/y			. 537				

#### 195/241

T:	rPEPCo	1:	AGAAGAI	* CTCATGTT	20 FGAGTTGTCTAT	* GTGGCGCT	40 GCAACGACGAG	* CTCCGTGTT1	60 AGAGO	:	60
T	rPEPCo	i :	TGAAGAG	* CTTCATAG <i>I</i>	80 ATCCTCAAAGAA	* AGATGCAA	100 AACATTATATTO	* GAGTTTTGG?	120 AACA	. <b>:</b>	120
T	rPEPCd	1:	GATTCCT	* 'CCAAACGAG	140 SCCATATCGTGT	* TATTCTTG(	160 GAGGTGTGAGGO	* JACAAACTGI	180 ATAA	:	180
To	rPEPCd	l :	TACACGT	* GAACGTGCI	200 'CGACAGTTATT	* AGCAAATGO	220 SAACCTCTGACA	* ATCCTTGAAG	240 SAGAC	:	240
Tı	rPEPCd	l :	AACCTTC	* ACGAATGTT	260 GAGCAGTTTCT	* GGAGCCTC1	280 TTGAACTGTGTT	* CATAGGTCAC	300 TTTG	:	300
Tı	rPEPCd	l :	TGCATGT	* GGTGACCGA	320 TCAATAGCAGA(	* CGGAAGCCI	340 TTCTTGATTTCT	* TGCGACAAG	360 TTTC	:	360
Tr	PEPCd	l :	TACATTT	* GGACTTTCA	380 CTTGTAAGACT(	* CGACATCCG	400 FTCAAGAGTCAG	* BACAGGCACA	420 CAGA	:	420
Tr	PEPCd	. :	CGTTATG	* GATGCAATT	440 ACAAAACACTTO	* GAGATTGG	460 ATCTTACCGAG	* BAATGGTCGG	480 AAGA	:	480
Tr	PEPCd	. :	ACGCAGG	* CAGGAATGG	500 CTCTTGTCTGAG	* CTTAGTGG	520 AAAACGCCCTC	* TCTTCGGCC	540 ATGA	:	540
Tr	PEPCd	:	TCTTCCT	* AAGACAGAA	560 GAAATTGCCGAT	* GTTTTAGA	580 TACCTTNCACG	* TNATTTCAN	600 AACT	;	600
Tr	PEPCd	:	TNCCTCAI	* NATAGCTTT	620 GGTGCCTATATC	* ATCTCAAT	640 GGCAACCTCCC	* CATCTGATG	660 IGCT	:	660
Tr	PEPCd	:	AGCTGTC	* BAGCTTTTA	680 CAACGTGAATGT	* 'CATGTGAA	700 GCAGCCGTTAA	* NAGTTGTTC	720 CACT	:	720
Tr	PEPCd	:	GTTTGAA!	* AAGCTCGCCI	740 NGTCTTGAGTCT	* 'GCTCCTGC'	760 TGCGGNAGCGC	* GTTTTTTNT:	780 TAGA	:	780
Tr	PEPCd	:	TTGGGNC	* MAACCGNNI	800 . NTAATGGAAAGC	* 'AGAAGTTN'	820 TGATAGGTACT	* CANACINGGO	840 3AAA	:	840
Tr	PEPCd	:	AGATGCTO	* EGCCGNN :	854						

#### FIGURE 95

W DDD 0.1			20	*	40	*	60		
TrPEPCd	:	EDLMFELSMWRCNDEL	RVRAEELHRSSK	KDAKHYIE	FWKQIPPNEP	RVILGGVRI	KLYN	:	60
		*	80	*	100	*	120		
TrPEPCd	:	TRERARQLLANGTSDI	LEETTFTNVEQF:	LEPLELCY	RSLCACGDRSI	ADGSLLDFL	ROVS	:	120
								-	
		*	140	*	160	*	180		
TrPEPCd	:	TFGLSLVRLDIRQESD	RHTDVMDAITKH	LEIGSYRE	WSEERROEWLI	SELSGKRPI	FGHD		180
					-			•	
		*	200	*	220	*	240		
TrPEPCd	:	LPKTEEIADVLDTXHX	ISXLXSXSFGAY:	IISMATSP	SDVLAVELLOR	ECHVKOPTX	WDT.		240
								•	270
		*	260	*	280				
TrPEPCd	:	FEKLAXLESAPAAXAR	FXLDWXXTXXMES	SRSXDRYS	XXGKDAGX .	284			

			*	20	*	40	*	60		
TrPEPCe	:	GTTCACTG1	'CTCTCTGN	NCCAATTTTCCT	CCCTTGTC	TTCTTTTTCTTC	TTCTTCCT	CGTA	:	60
			*	80	*	100	*	120		
TrPEPCe	:	TCTTACTGC	CTCATTAC	CACGGGTGAGAA	GGAGTGAA'	TTGCTCCAATGG	CAACAAAC	AAAA	:	120
			*	140	*	160	*	180		
TrPEPCe	:	TGGAAAAAA	TGGCATCA	ATTGATGCACA	GCTTAGAC:	AATTAGTACCAG	CAAAAGTT	AGTG	:	180
						•				
TrPEPCe		дасатсата	*	200 'Gagrangangg	*	220 TGGATCGGTTTC	*	240		
ILLBECG	•	MONIGAIA	AACITATI	GAGIAIGAIGC	riigiigi	rggareggrire:	FIGATATCO	CTTC	:	240
			*	260	*	280	*	300		
TrPEPCe	:	AGGATTTAC	ATGGAGAG	GATCTGAAAGAT	TCTGTTC	AAGAAGTGTATG	AACTTTCT	CGG	:	300
			*	320	*	340	*	360		
TrPEPCe	:	AGTATGAAA	GAAAGCAI	GATCCTAAGAAA	CTTGAAG	AGCTCGGAAATT	rgataaca <i>i</i>	AGTT	:	360
			*	380	*	400	*	420		
TrPEPCe	:	TAGATGCAG	GAGATTCA	ATTGTTGTTGCT	TAAGTCCT:	FTTCGCACATGC	TAACTTGO	CCA	:	420
			_							
TrPEPCe			* *	440	* 	460	*	480		
IIFEFCE	•	ACTIAGCIG	MAGAGGII	CAGATIGCICAT	CGTCGAAC	GAACAAGTTGA <i>i</i>	AGAAAGGAG	ATT ,	:	480
			*	500	*	520		<b>540</b>		
TrPEPCe	:	TTAGGGATG.			TCAGACAT	CGAAGAAACTCT	TAAGAGAC	540 ידידים		540
									•	240
				560	*	580	*	600		
IrPEPCe	:	TGTTTAATA'	TGAAGAAA	TCTCCTCAGGAA	GTTNTTG	ATGCGTTGAAGA?	CCNNACCG	TTG	:	600
DDDC-				620	*	640	*	660		
TrPEPCe	:	ATTTGGTTC	PROTECT	CATCCCACTCAG	TCCGTTC	BANGNCCNCTGCT	TCCCNNNG	CCT	:	660
			*	680						
D DEDG -				680	*		•			

#### 198/241

TrPEPCe : MATNKMEKMASIDAQLRQLVPAKVSEDDKLIEYDALLLDRFLDILQDLHGEDLKDSVQEV : 60

* 80 * 100 * 120

TrPEPCe : YELSAEYERKHDPKKLEELGNLITSLDAGDSIVVAKSFSHMLNLANLAEEVQIAHRRRNK : 120

TrPEPCe : LKKGDFRDESNATTESDIEETLKRLVFNMKKSPQEVXDALKNXTVDLVLTAHPTQSVRXX : 180

* TrPEPCe : LLPXAWXGXRXXYXTX : 196

#### 199/241

60	; ;	* 60 TCTTTCTCTCAA	40 CCNCTTTCGCC	* ATNACACTTTC	20 CATTACATTA	* GNNNCNCNAC	. <b>:</b>	TrCSa
120	) ? :	* 120 FCATTCTACGCGTCT	100 GGATCCGAAA	* CCAATTCTTT	80 AATTCAATTC	* TATAAAGACC	:	TrCSa
180	) :	* 180 CTAAATGGCGTTCTT	160 TTTTGTTGAT		140 · CTGCGTTTCAA	* TCTCTCTTCTC	. :	TrCSa
240	:	* 240 ACAACCTAGTCTTGC	220 TCTCGTGTGG	* CAAAACTACGA	200 FCTGCGCTTTC	* TCGAAGCGTTT	:	TrCSa
300	· :	* 300 CTTTATTCTGAGAT	280 TCCAGTAACA	* AACTCCAAGC	260 AGATGGCTCCA	* TAATTCAGTTA	:	TrCSa
360	:	* 360 GAAAGACCATGGAAG	340 GTTAAGAAGT	* ATCAGGAACGT	320 GTTCCAGAGTA	* GAAGGAGCTAG	:	TrCSa
420	:	* 420 BAGAGGAATGACTGC	400 GTACTTGGTG	* AGCTGATATG	380 GAAAAATCAC	* TGTTGAATTGG	:	TrCSa
480	:	* 480 CTTTAGGGGCATGAC	460 GATGAGGGAA	* TGTTGACCCA	440 CTAGGCTCAGC	* TTTAGTGTGGC	:	TrCSa
540	:	* 540 GGAGCCTTTGCCCGA	520 GCTTTTCCTG(	* ACTTCCAGGT	500 GCCAGAAAAC	* AATTCCTGACT	:	TrCSa
600	:	* 600 CAAGTAGATTCATT	580 GTACCAAGTA	* GACCGGAAAG	560 GGCTTCTATT	* GGCTATACTGT	<b>:</b> .	TrCSa
660	:	* 660 AAGGCAATTGATGC	640 CCAGAGTATGO	* TGCAAAAATC	620 TGCGAAGTCG	* AGCTCACGAAT	:	IrCSa
720	:	* 720 ATGGCCCTCCAGGT	700 FTTAGTACTGO	* AATGACACAA:	680 CTGCTCATCC	* ACTGCCTGTTT	:	IrCSa
780	:	* 780 AGGTATTGGGAGCC	760 GGATACATA			* GGAGAGTGAGT	:	IrCSa
840	:	* 840 GCTGCCTATATTTA	820 CGTTTGCCTGG	* TTTAATTGCT(	800 ATAGCTTGAA	* AACTTATGAGG	:	rcsa
900		* 900 TTGGATTATGGTGC	880 ADTADDTTADC	* AAAAATCATA(	860 ACAAGGATGG	* TCGACGGATAT	:	[rCSa

# FIGURE 99

		960	*	940		920	*		
960	:	<b>IGAGGCTGTA</b>	CTGGAGTTTAT	CCAGAAACG	SATTTGATGA:	CACATGTTAG	AAACTATGCT	:	TrCSa
1020	:	1020 CTCACCTAGT	* CTCACACAGC	1000 CAACGTTAGTT	* ATGAAGGNGG(	980 ATAGTGATC	* TATTTCTATC	:	TrCSa
1080	:	1080 STTTAGCTGG	* SCTCTGAATGG	1060 ATTCGCAGCTO	* CTTATCTTGC!	1040 TATCAGATCO	* TGCTAGTTCAC	. <b>:</b>	IrCSa
1140	:	1140 PAGTTAAGGA	* ATCAGAAACAT	1120 CTACGATGGA	* ATCAGGAAGTI	1100 GTTTAGCCAP	* CCCACTGCATC	:	FrCSa
1200	<b>:</b> .	1200 AAACATTGAA	* 'ACATTCATAA	1180 TTGAGCGACT	* TACAGAACAA	1160 CAAACATAAG	* GTTTGGAACTC	:	rcsa
1260	:	1260 CCCAAGATA	* GCAATACAGA	1240 GGAGTTTTGC	* ATATGGACAT	1220 TTGTGCCTGG	* CAGTGGCCAGG	:	rrcsa
		307	ATCCAN : 1	1300 TTGCCTAATG	* ATTGAAGCAT	1280 GGGAGTTTGC	* CACTTGCCAGA	:	rCSa

		*	20	*	40	*	60		
[rCSa	:	MAFFRSVSALSKL	RSRVGQQPSLAN	NSVRWLQTPS	SSNTDLYSEM	KELVPEYOERV	KKTIKK	:	60
								•	•
		*	80	*	100	*	120		
CrCSa	:	DHGSVELGKITAD	MVLGGMRGMTAI	LVWLGSAVDP	DEGIRERGMT	T PDCOKTT.PGA1	FDCGF		120
						ar bogitter om	LOGI	•	120
		*	140	*	160	*	180		
rcsa	:	PLPEAILWLLLTG		HELRSRAKT		T.DV/SAHDMTOF	TOO.		180
					~ ~ 1111111111	or vomitringer	31G4M	•	700
		*	200	*	220	*	240		
rCSa	:	ALQVESEFTKAYE		AT.TM.TECHY		 ססדעערמעדדחו	24U	_	240
				LDCUINAIN	TOP GIAMITI	KKTIKDGKTIPI	חפטטנ	:	240
			•						
		*	260	*	280	*	300		
rCSa	•	DYGANYAHMLGFD		STHEDHEON		 CCT.CDDVT X EX			200
	•			DINDDINGN	VOULTHILLY	SOUSDPIHAFA	THING	:	300
						•			
		*	320	*	340	•	360		
rCSa		LAGPLHGLANQEV				~	200		2.50
LCOA	•	THO: DIGHMIQUE V.	DICM TICM T A KEL C	тъмтотебп	SDITHVITING	3QV V PG Y GHG V I	1KN.T.D	:	360
		*							
rees		PRYTCQREFALKH	ספיב - מכתומו						
LCOA	٠	EVITC Ó VEL WOVE	<b>DENDE : 2/8</b>						

		* 20 * 40 *		
TrCSa1	. :	GNNNCNCNACCATTACETTAATHACATTTCHNCTTTCGCCTTGTTCTTTCTCTCAA		60
TrCSa2	:	ACATTEGTNAMICTTTECHCTTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT	:	60
TrCSa3	:	AA - TOTTOTOTOTO	:	45
TrCSa4			:	-
TrCSa5			:	_
TrCSa6			:	-
TrCSa7	-		:	-
IIC5a/	•		:	-
M=00-1		* 80 * 100 *		120
TrCSa1		TATAAAGACCAATTCAATTCCCAATTCTTTTGGATCCGAAATCATTCAT	:	120
TrCSa2	-	TATAAAGACC-ATTCAATTCCCAATTCTTTTGGATCCGAAATCATTCATTC	:	104
TrCSa3		TÄCCGNAÄÄCTTÄCÄTÑC-ÏAQTÜÜTÑCAÄĞCÑCÏŇCGNCT		40
TrCSa4	-	- ETNCCCG AA	į	10
TrCSa5				
TrCSa6	-		:	_
TrCSa7	:		:	
			•	_
		* 140 * 160 *		180
TrCSa1	:	TCTCTCTCTCTGCGTTTCAAACCCTAGTTGTTTGTTTGATTGA		180
TrCSa2	:	TCTCTCTCTCTCTGCGTTTCAAACCCTAGTTGTTTGTTGATTGA	:	164
TrCSa3	:	TCTENCTTCTCTGCGTTTCAAACCCTAGTTGTTTTGTTGATTGAT	•	
TrCSa4	:	TNN TTGATTGATCTAC-TTT-TNACCCT-GTTGTTTNGTTGATTGATCTAAATGGCGTTCTT	•	100
TrCSa5	:	The state of the s	:	67
TrCSa6	:		:	-
TrCSa7	•		:	_
	•		:	_
		* 200 * 220		
TrCSa1		* 200 * 220 * TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTTCAAAACTACCATCTTCTGCGCTTTTCAAAACTACCATCTTCTGCGTTTTCAAAAACTACCATCTTCTTCTGCTTTTCTTGCTTTCTTT		240
	:	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTCC	:	240
TrCSa2	: :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	:	240 224
TrCSa2 TrCSa3	: : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	:	240
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	: : :	240 224
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	: : : :	240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5 TrCSa6	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC		240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5	: : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC		240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5 TrCSa6	: : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC		240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5 TrCSa6	: : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTCGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	: : : : :	240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5 TrCSa6 TrCSa7	: : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTCGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC	: : : : :	240 224 160
TrCSa2 TrCSa3 TrCSa4 TrCSa5 TrCSa6 TrCSa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTCACAT	: : : : :	240 224 160 127 - -
TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300
TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 280 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT * 320 * 340 *		240 224 160 127 - - - 300 300 284 220
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT CAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGACACATGAAACACCATGAACAC		240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa6 TrCsa6 TrCsa7  TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7  TrCsa1 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT  * 320 * 340 * GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAAAGA	: : : :	240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa6 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 280 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGAAGACCATGGAACGAAGGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACACATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACATGAAACGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGAACGACGAGACGATGCATCCAACACACGACGAGACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGATGAACACTGAACACTGATCCAACACACAC	: : : :	240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 280 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGAAGACCATGGAACGAAGGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACACATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACATGAAACGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGAACGACGAGACGATGCATCCAACACACGACGAGACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGATGAACACTGAACACTGATCCAACACACAC	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 260 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT  * 320 * 340 * GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAAAGA	: : : :	240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 280 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGAAGACCATGGAACGAAGGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACACATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACATGAAACGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGAACGACGAGACGATGCATCCAACACACGACGAGACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGATGAACACTGAACACTGATCCAACACACAC	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	240 224 160 127 
TrCsa2 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa1 TrCsa2 TrCsa3 TrCsa4 TrCsa5 TrCsa6 TrCsa7 TrCsa6 TrCsa7		TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC TCGAAGCGTTTCTGCGCTTTCAAAACTACGATCTCGTGTGGGTCAACAACCTAGTCTTGC  * 280 * 280 * TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT TAATTCAGTTAGATGGCTCCAAACTCCAAGCTCCAGTAACACTGATCTTTATTCTGAGAT GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAGACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGGAAG GAAGGAGCTAGTTCCAGAGTATCAGAACGTGTTAAGAAGTTGAAGAACACATGAAGACCATGGAACGAAGGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACACATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAAGACATGAAACGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGTGTTAAGAAGACCATGAACGACGAGACGATGCATCCAACACACGACGAGACGACGTGTTAAGAAGACCATGGAACGACGATGAACACTGAACACTGATCCAACACACAC	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	240 224 160 127 

	ACC/A-T		
	* 380 * 400 * 420		
TrCSa1 :	TGTTGAATTGGGAAAAATCACAGCTGATATGGTACTTGGTGGAATGAGAGGAATGACTGC	:	420
TrCSa2 :	TGTTGAATTGGGAAAAATCACAGCTGATATGGTACTTGGTGGAATGAGAGGAATGACTGC	:	404
TrCSa3 :	TGTTGAATTGGGAAAAĞTCACAGCTGATATGGTACTTGGTGGAATGAGAGGAATGACÄGC	:	340
TrCSa4 :	TGTTGAATTGGGAAAAATCACAGCTGATATGGTACTTGGTGGAATGAGAGGAATGACTGC	:	307
TrCSa5 :	GÑGQÃAAAÄÑACAGCTGATATGGTACTTGGTGGAATGAGAGGAATGACTGC	:	51
TrCSa6 :		:	16
TrCSa7 :		:	_
	<u>* 440</u> * 460 * 480		
TrCSa1 :	TTTAGTGTGGCTAGGCTCAGCTGTTGACCCAGATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC	:	480
TrCSa2 :	${ t TTTAGTGTGGCTAGGCTCAGCTGTTGACCCAGATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC$	:	464
TrCSa3 :	TTTAGTGTGGCTAGGCTCAGCTGTTGACCCAGATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC	:	400
TrCSa4 :	TTTAGTGTGGCTAGGCTCAGCTGTTGACCCAÑATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC		367
TrCSa5 :	TTTAGTGTGGCTAGGCTCAGCTGTTGACCCAGATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC		111
TrCSa6 :	TTTAGTGTGGCT-GGCT-NGCTGTTGACCCAGATGAGGGAATTCGCTTTAGGGGCATGAC	•	74
TrCSa7 :		Ť	
	* 500 * 520 * 540		
TrCSa1 :	AATTCCTGACTGCCAGAAAACACTTCCAGGTGCTTTTCCTGGTGGGGAGCCTTTGCCCGA		540
TrCSa2 :	AATTCCTGACTGCCAGAAAACACTTCCAGGTGCTTTTCCTGGTGGGGAGCCTTTGCCCGA		524
TrCSa3 :	AATTCCTGACTGCCAGAAAACACTTCCAGGTGCTTTTCCTGGTGGGGAGCCTTTGCCCGA		460
TrCSa4 :	AATTCCTGACTGCCACAAAACACTTGCAGGTGCTTTTNCTGGCGGGGAGNCTTTGNCCNA		427
TrCSa5 :	AATTCCTGACTGCCAGAAACACTTCCAGGTGCTGTTTCCTGGTGGGGAGCCTTTGCCCGA		171
TrCSa6 :	AATTCCTGACTGCCAG_AAACACTTCCAGGTGCTTTTCCTGGTGGGGAGCCTTTGCCCGA		133
TrCSa7 :	**Indicated in the control of the co	•	T33
		:	_
	* 560 * 580 * 600		
TrCSa1 :	GGCTATACTGTGGCTTCTATTGACCGGAAAGGTACCAAGTAAAGAGCAAGTAGATTCATT		600
TrCSa2 :	GGCTATACTGTGGCTTCTATTGACCGGAAAGGTACCAAGTAAAGAGCAAGTAGATTCATT		584
TrCSa3 :	GGCTATACTGTGGCTĞCCATTGACCGGAAAGGTACCAAGTAAAGAGCAAGTAGATTCATT		520
TrCSa4 :	GGCTATACTGCGGNTTNTATTGACCGGNN		520 456
TrCSa5 :	GGCTATACTGTGGCTTCTATTGACCGGAAAGGTACCAAGTAAAGAGCAAGTAGATTCATT		231
TrCSa6 :	GGCTATACTGTGGCTTCTATTGACCGGAAAGGTACCAAGTAAAGAGCAAGTAGATTCATT		231 193
TrCSa7 :		•	193
		:	-
	<u>* 620 * 640 * 660</u>		
TrCSa1 :	AGCTCACGAATTGCGAAGTCGTGCAAAAATCCCAGAGTATGCTTACAAGGCAATTGATGC		
TrCSa2 :	AGCNAGCN		660
TrCSa3 :	AGCTCACGAATTGCGAAGTCGTGCAAAAATCCCAGAGTATGCTTACAAGGCAATTGATGC		588
TrCSa4:	- STORE CONTROL CONTRO	: :	580
TrCSa5 :	AGCTCACGAATTGCGAAGTCGTGCAAAAATCCCAGAGTATGCTTACAAGGCAATTGATGC	•	-
TrCSa6 :	AGCTCACGAATTGCGAAGTCGTGCAAAAATCCCAGAGTATGCTTACAAGGCAATTGATGC		291
TrCSa7 :	- SOUTH TO THE SOUTH TO THE SOUTH THE SOUTH THE SOUTH TO THE SOUTH	: .	253
		:	-
	* 680 * 700 * 720		
TrCSa1 :	* 680 * 700 * 720 ACTGCCTGTTTCTGCTCATGACACAAN		
TrCSa2 :		: (	692
TrCSa3 :	ACTGCCTGTTTCTGCTCATCCAATGACACAATTTAGTACTGGTGTAATGGCCCTCCAGGT	:	
TrCSa4:	TO TO THE TOTAL CONTROL OF THE TABLE OF THE	: (	640
TrCSa5:	ACTGCCTGTTTCTGCTCATCCAATGACACAATTTAGTACTGGTGTAATGGCCCTCCAGGT	•	-
TrCSa6 :	ACTGCCTGTTTCTGCTCATCCAATGACACAATTTAGTACTGGTGTAATGGCCCTCCAGGT ACTGCCTGTTTCTGCTCATCCAATGACACAATTTAGTACTGGTGTAATGGCCCTCCAGGT		351
TrCSa7 :	TOTAL TELECTION OF THE TACTAC TELECTRATEGE CCTC CAGGT	: 3	313
TTCDQ/:		:	_

#### 204/241

		*	740	*	760	*	700	
TrCSa1	. :						780	
TrCSa2	:							: -
TrCSa3	:	GGAGAGTGAGTTT	ACAAAGGCAT	ATGAGAGTGG	CATACATA			: -
TrCSa4	:			LL CHORUTOO	JATIACAT W			: 681
TrCSa5	:	GGAGAGTGAGTTT	ACADAGGCAT	ACCACACTCC				: -
TrCSa6	-	GGAGAGTGAGTTT	ACAMAGGCATI	ACGAGAGIGG	JATACATAAG	I CAAGGTATTG	GGAGCC	: 411
TrCSa7		GGAGAGTGAGTTT.	ACAAAGGCAI	HCGAGAGTGG(	JATACATAAG	1CAAGGTATTG	GGAGCC	: 373
<del> </del>	•			Ning AGAGTGG(	SA-NCNT-AG	T-AAGG-ATTG	GGAGCC	: 34
		*	800					
TrCSa1				*	820	*	840	
TrCSa2								: -
TrCSa2								: -
TrCSa3	-	,						: -
TrCSa4	-	A A Comma more con m						: -
TrCSa5	_	AACTTATGAGGATA	AGCTTGAATT	PAATTGCTCG1	TTGCCTGGA	ATTGCTGCCTA	CATTTA	: 471
	:	AACITAIGAGGAIA	AGCLIGAATII		"TTCCCTCCズ゙	\mmccmcccmxt	G 70 CD CD CD 70	: 433
TrCSa7	:	-ACTTATGAGGAT	GCTTGAATTT	PAATTGCTCGT	TTGCCTGGA	ATTGCTGCCTAT	CATTTA	: 92
								•
TrCSa1		*	860	*	880	*	900	
TrCSa1	:	,				·		: -
TrCSa2	:					·		: -
	:							: -
TrCSa4	:						,	: -
TrCSa5	:	TCGACGGATATACA	\AGGATGGAAA	AATCATACCA	TTGGATGATT	CTTTGGATTAT	GGTGC	: 531
TrCSa6 TrCSa7	:	TCGACGGATATACA	AAGGATGGAAA	AATCATACCA	TTCCDTCDTT	ירישיייה ע אישיייים אימיי	заашаа	: 493
Tresav	:	TCGACGGATATACA	AGGATGGAAA	AATCATACCA	TTGGATGATI	CTTTGGATTAT	GGTGC	: 152
TrCSa1		*	920	*	940	*	960	
TrCSa1	:							: -
	:						'	: -
TrCSa3	:							: -
TrCSa4	:							: -
TrCSa5	:	AAACTATGCTCACA	TGTTAGGATT	TGATGATCCA	GAAACGCTGG	AGTTTATGAGG	CTGTA	: 591
TrCSa6	:	AAACTATGCTCACA	J'G'I'I'AGGAT'T	TGATGATCCA	CAAACCCTCC	A CIPTURA PICA CO	C/III C/III 7	: 553
TrCSa7	:	AAACTATGCTCACA	TGTTAGGATT	TGATGATCCA	GAAACGCTGG	AGTTTATGAGG	CTGTA	: 212
								. ~
TrCSa1	_	*	980	*.	1000	*	1020	
TrCSa1	•						;	: -
TrCSa2	•						:	-
TrCSa3	•						:	: -
	:						:	
Tresas	:	TATTTCTATN						601
Trcsa6	:	TATTTCTATCCATA	GTGATCATGA	AGGN			;	
Tresa7	:	TATTTCTATCCATA	GTGATCATGA	AGGTGGCAAC	STTAGTTCTC	ACACAGCTCAC	CTAGT :	272
								_,_
ጥታሮሮኋ፣		*	1040	*	1060	*	1080	
Trobat	•						:	_
Trees	:						:	_
TrCS=4	:						:	-
Tresas	:						:	_
TrCSa6							:	_
TrCSa7		TGCTAGTTCACTAT					:	-
-1-004/	•	ICCIAGI ICACIAT	CAGATCCTTA!	CTTGCATTCC	CAGCTGCTCT	GAATGGTTTAC	CTGG:	332

# FIGURE 101 (cont.)

			*		*	1120	*	1140	
TrCSa2	:								-
TrCSa3	:								-
TrCSa4	:								-
TrCSa5	:		<b>-</b>					:	_
TrCSa6	:							:	
TrCSa7	:	CCCACTO	GCATGGT	TTAGCCAATCAG	GGAAGTTCT	ACGATGGATCA	GAAACATAG	TTAAGGA	392
							W-131		
			*	1160	*	1180	*	1200	
									_
	:								_
TrCSa3	:								_
TrCSa4	:								_
TrCSa5	:								-
TrCSa6	:							:	_
TrCSa7	:	GTTTGG	AACTCCA	AACATAAGTACA	AGAACAATT	GAGCGACTACA'	TTCATAAAA	CATTGAA	452
			*	1220	*	1240	*	1260	
									_
TrCSa2	:								_
TrCSa3	:								_
TrCSa4	:					,			_
TrCSa5	:							:	_
TrCSa6	:								_
TrCSa7	:	CAGTGG	CCAGGTT	GTGCCTGGATAT	GGACATGG	AGTTTTGCGCA	ATACAGACC	CAAGATA :	512
			*	1280	*	1300			
TrCSa1	<b>:</b> .						: -		
	:				·		: -		
TrCSa3	:						: -		
TrCSa4	:						: -		
TrCSa5	:								
TrCSa6	:								
TrCSa7	:	CACTTGC	CAGAGG	GAGTTTGCATTG	AAGCATTT	GCCTAATGATC	AN : 559		

## 206/241

TrCsb	) ;	CNTTTCNT	* CTTCCACAG	20 CATCCTAATCC	* PAATCCTA	40 ATCCTAATCCTA	* ITACTAATI	60 ACTA	. :	60
TrCsb	) :	ATTACTAA	* TTACTAGT!	80 ACTAATTAGTAA	* ATACCGAT(	100 CCCTTTTTCTCG	* AACCCATTC	120 ATTC	:	120
TrCSb	) :	AAGNAGAA	* .GAAGGAAA	140 ACAAAATCCAC	* CACAAACA <i>I</i>	160 AACATCTTACAA	* CAATGTCAA	180 CGAC	:	180
TrCSb	• :	AACTACTA	* CAACCGACG	200 AATCCAAGCTG	* GCACGACGO	220 CTGCACGGAACCC	* FTTTGGCCA	240 CCCT	:	240
TrCSb	:	CTCAGCTC	* ACTTGCTTC	260 CTTCCTCCACA	* ACCTCCGC	280 CCGCGCTCCTCC#	* ATCCTATTC	300 ACCT	:	300
TrCSb	:	TTCTTCTT		320 TCTCCCCACCG	* TCTAATGI	340 CCAAAGGAACACI	* CACCGTTG	360 TTGA	:	360
TrCSb	:	TGAACGTAG		380 AGTATACCATT	* GAGGTCTC	400 TCCTGATGGCAC	* 'CGTTAAAG	420 CCAA	:	420
TrCSb	:	TGATTTCA		440 CAACTGGGAAG	* AATGATAA	460 .GGGACTCAAACT	* TTATGATC	480 CTGG	:	480
TrCSb	:	ATATTTAA	* ACACTGCTC	500 CTGTGCGATCA	* ACAATTTC	520 TTATATTGATGG	* TGATGAGG(	540 GAAT	:	540
TrCSb	:	CCTTAGATA		560 ACCCCATTGAG	* GAGTTGGC	580 CGAGAAAAGCAC	* CTTTCCGG!	600 AAGT	:	600
TrCSb	:	GGCATATCT		620 ATGGAAATTTG	* CCTTCTGC	640 AAATCAGTTACA	* AGAATGGGA	660 ATT	:	660
TrCSb	:	TGCTATATC	* TCAGCATT	580 CAGCCTTACCT(	* CAAGGAGT	700 FTTGGATCTCAT	* ACAATCAAI	720 GCC	:	720
TrCSb	:	TCAAGATGC	* ACATCCTAT	740 CGGGCGTCCTAC	* FTGAATGC	760 AATAAGCGCTCTC	* FTCTGTTTT	780 TCA	:	780
TrCSb	:	TCCTGACGC	* E	800 CTCTCAGAGGTO	* CTTGACATO	820 CTACAACTCAAAC	* GCAAGTGAG	840 AGA	:	840
TrCSb	:	САААСАААТ.	* 8 AGCACGGAT	60 Tattggaaaga	* ATAACAACA	880 ATTGCTGCTGCZ	* \	900 TAG		900

# FIGURE 102

		* 920 * 940 * 960		
TrCSb	:	AATGGCAGGAAGGCCACCTGTGCTTCCATCCAACAAACTATCTTACACAGAGAACTTCCT	:	960
TrCSb	:	* 980 * 1000 * 1020 ATACATGCTTGATTCTCTAGGCAATCGGTCATATAAACCCAACCCTCAGCTAACTCGTGC	:	1020
TrCSb	:	* 1040 * 1060 * 1080 ACTAGACATCATCTTCATCCTGCATGCAGAACATGAAATGAATTGCTCTACATCTGCTGT	:	1080
TrCSb	:	* 1100 * 1120 * 1140 ACGACACCTTGCATCAAGCGGCGTCGATGTATACACTGCTATTGCTGGAGGTGTTGGAGC	:	1140
TrCSb	:	* 1160 * 1180 * 1200 TCTGTATGGACCTCTTCATGGTGGAGCTAATGAGGCGGTCCTTAAAATGCTGAGTGAAAT	:	1200
m-cc-		* 1220 * 1240		

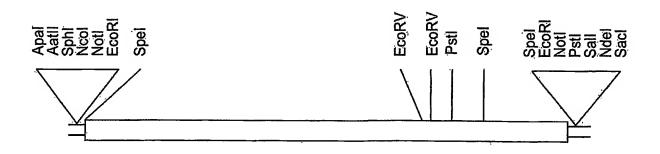
		*	20	*	40	*	60		
Licsp	:	MSTTTTTTDESKLHDAA	RNRLATLSAHLL	PSSTTSAA	LLHPIHLSSSSG	ISPPSNVK	GTL	:	60
FrCSb	:	* TVVDERTGKKYTIEVSP	80 DGTVKANDFKKI		100 LKLYDPGYLNTA	* PVRSTISY	120 IDG	:	120
rrcsb	:	* DEGILRYRGYPIEELAE	140 KSTFPEVAYLIL		160 QLQEWEFAISQH	* SALPQGVL	180 DLI	:	180
rcsb	:	* QSMPQDAHPMGVLVNAI	200 SALSVFHPDANP.		220 NSKQVRDKQIAR	* IIGKITTI	240 AAA	:	240
rcsb	:	* INLRMAGRPPVLPSNKL	260 SYTENFLYMLDS:		280 NPQLTRALDIIF	* ILHAEHEM	300 NCS	:	300
rcsb	:	* TSAVRHLASSGVDVYTA	320 FAGGVGALVGDL		340 LVMLSETGEVON	* TDDDTDC17	· .	2 5	0

TrCSb1			_
		* 20 * 40 * 60 CNTTTCNTTTCCACAGCATCCTAATCCTAATCCTAATCCTAATCCTAATTACTA	-
TrCSb2		entirediene de la comme de la	: 60
TrCSb3	:		: -
TrCSb4	•		: -
	•		: -
TrCSb5	:		: -
TrCSb6	:		: -
TrCSb7	:		: -
		* 80 * 100 * 120	
TrCSb1	:	ATTACTAATTACTAGTACTAATTAGTAATACCGATCCCTTTTTCTCGAACCCATTCATT	: 120
TrCSb2	:		: -
TrCSb3	:		: -
TrCSb4	:		
TrCSb5	:		: -
TrCSb6	:		•
TrCSb7	:		•
			• -
		* 140 .* 160 * 180	
TrCSb1	:	AATTCAAGAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	: 179
TrCSb2	:		: 55
TrCSb3	•	GNNGNAGAAGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	
TrCSb4		GNAAAGAGGAAAAAC-AAATNCACAAAC-AACATCTTAC-ACAATGTCAACGAC	: 58
TrCSb5	:		: 50
TrCSb6	:		: 45
TrCSb7	•		: -
IICSD /	•		: -
		* 200 * 220 * 240	
TrCSb1			4
TrCSb1	•	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT	: 239
TrCSb2	•	MACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGCAAGCCTTTTCCCCAAGCACT	
	•	A CONTROL OF A COCCA COCCA A COCCA A COCCA	: 115
TrCSb4		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT	
TrCSb5	•	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT	: 115
	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT	: 115 : 118
TrCSb6	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT	: 115 : 118 : 110
	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT	: 115 : 118 : 110
TrCSb6	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT	: 115 : 118 : 110
TrCSb6	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCÄACCCT	: 115 : 118 : 110
TrCSb6 TrCSb7	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÃGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCĨŢACCCT  * 260 * 280 * 300	: 115 : 118 : 110
TrCSb6 TrCSb7	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTCCGCGCGCTTCCATCCA	: 115 : 118 : 110
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2	: :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT  * 26.0 * 28.0 * 30.0 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : -
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTĞGCÄACCCT  * 26.0 * 28.0 * 30.0 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTTCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCÄGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : -
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3 TrCSb4	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCÄACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTÄCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : -
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCÄACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTÄCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3 TrCSb4	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTĞGCÄACCCT  * 26.0 * 28.0 * 30.0 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTTCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCÄGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : -
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3 TrCSb4 TrCSb5	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCÄACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTÄCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3 TrCSb4 TrCSb5 TrCSb6		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCÄACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCÄGCGCTÄCTCCATCCTATÄCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCCTCCTCCATCCTATTCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170
TrCSb6 TrCSb7 TrCSb1 TrCSb2 TrCSb3 TrCSb4 TrCSb5 TrCSb6		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCGGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCTGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCTTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCTTCCTCCATCCTATTCCACCT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170
TrCsb6 TrCsb7 TrCsb1 TrCsb2 TrCsb3 TrCsb4 TrCsb5 TrCsb6 TrCsb7		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTTTTT	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : -
TrCsb6 TrCsb1 TrCsb2 TrCsb3 TrCsb4 TrCsb6 TrCsb7		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCÄACCCT AACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCÄACCCT   * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGGCTCCTCCATCCTATCCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAÄCTCCGCCÄGCGCTCCTCCATCCTATCCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAÄCTCCGCÄGCGCTÄCTCCATCCTATCCACCT  * 320 * 340 * 360  TTCTTCTTCTCCTCAGGGATCTCCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : -
TrCSb1 TrCSb1 TrCSb3 TrCSb4 TrCSb5 TrCSb6 TrCSb7	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTÄGCCACCCT AACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGGGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTTGCTTCCATCCTATCCACCT  * 320 * 340 * 360  TTCTTCTTCTCTCTGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCTCTGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : -
TrCSb1 TrCSb3 TrCSb4 TrCSb5 TrCSb6 TrCSb7		AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300 CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAACTTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCCGCGCTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCCACAAACCTCCGCTGGCGCTTCTCCATCCTATCCACCT TTCTTCTTCTCTCTGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCTCCTCGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCCGCTTCCTCCGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : - : -
TrCsb6 TrCsb1 TrCsb3 TrCsb4 TrCsb5 TrCsb6 TrCsb7 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb2 TrCsb3 TrCsb4	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTTGCTCCATCCTATTCACCT TTCTTCTTCTCTCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : - : -
TrCsb6 TrCsb1 TrCsb3 TrCsb4 TrCsb5 TrCsb6 TrCsb7 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb2 TrCsb3 TrCsb4	:	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300  CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTCCACAAÄCTCCGCTTGCTCCATCCTATTCACCT TTCTTCTTCTCTCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTCA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : - : - : -
TrCsb6 TrCsb1 TrCsb3 TrCsb4 TrCsb5 TrCsb6 TrCsb7 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb1 TrCsb2 TrCsb3 TrCsb4	: :	AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTAGCCACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCTACCCT AACTACTACAACCGACGAATCCAAGCTGCACGACGCTGCACGGAACCGTTTGGCTACCCT  * 260 * 280 * 300 CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGGGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACCTCCGCGGGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAACCTCCGCCGCGCTCCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT CTCAGCTCACTTGCTTCCTTCCTCCACAAACTCCGCTGCGCTTCTCCATCCTATTCACCT TTCTTCTTCCTCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA TTCTTCTTCCTCCGGGGATCTCCCCACCGTCTAATGTCAAAGGAACACTCACCGTTGTTGA	: 115 : 118 : 110 : 105 : - : - : - : 299 : 175 : 178 : 170 : 165 : - : -

	*	380	*	400	*	420	
TrCSb1 :	TGAACGTACCGGGAA	GAAGTATACCA	TTGAGGTCT	CTCCTGATGG	CACCGTTAAZ		: 419
TrCSb2 :	TGAACGTACCGGGAA	GAAGTATAACA	TTGAGGTCT	CNCTGATGG	CACCGTTAAZ	AGCCAA	: 295
TrCSb3:	TGAACGTACCGGGAA	GAAGTATAACA	ТТСАССТСТ	CACCTGATGG	CACCGTTAAZ	AGCCAA	: 298
TrCSb4 :	TGAACGTACCGGGAA	GAAGTATACCA	TTGAGGTCT	CTCCTGATGG	CACCGTTAAZ	ACCCAA	: 290
TrCSb5 :	TGAACGTACCGGGAA						
TrCSb6 :	HOTTICS MICCOCCAT	CHACIAINCCA	IIGMGGICI	CICCIGAIGG	CACCGITAAA	AGCCAA	: 285
TrCSb7:							: -
110007 :							: -
	+	440		460			
TrCSb1 :	TGATTTCAAGAAGAT		*	460	*	480	
TrCSb1 :	TGATITCAAGAAGAI	ATCAACTGGGA	AGAATGATA	AGGGGCTCAA	ACTTTATGAT	CCTGG	: 479
TrCSb2 :	TGATTTCAAGAAGAT	ATCAACIGGGA	AGAATGATA	AGGGACTCAA	ACTTTATGAT	I.C.C.I.G.C.	: 355
	TGATTTCAAGAAGAT	ATCAACTGGGA	AGAATGATA	AGGGACTCAA	ACTTTATGAT	CCTGG	: 358
TrCSb4:	TGATTTCAAGAAGAT	ATCHACTGGGA	AGAATGATA	AGGGACTCAA	ACTTTATGAT	CCTGG	: 350
TrCSb5 :	TGATTTCAAGAAGAT	ATCAACTGGGA	AGAATGATA	AGGGGCTCAA	ACTTTATGAT	CCTGG	: 345
TrCSb6:							: -
TrCSb7 :					<u>-</u>		: 1
TrCSb1 :	A MA MOMBA A A CA COCC	500	*	520	*	540	
	ATATTTAAACACTGC	TCCTGTGCGAT	CAACAATTT	CTTATATTGAT	rggtgatgae	GGAAT	: 539
TrCSb2 :	ATATTTAAACACTGC	TCCTGTGCGAT	CAACAATTT	CTTATATTGA	rggtgatgac	GGAAT	: 415
TrCSb3:	ATATTTAAACACTGC	TCCTGTGCGAT	CAACAATTT	CTTATATTGA:	rggtgatgac	GGAAT	: 418
TrCSb4:	ATATTTAAACACTGC	TCCTGTGCGAT	CAACAATTT	CTTATATTGAT	rggtgatgac	GGAAT	: 410
TrCSb5:	ATATTTAAACACTGC	TCCTGTGCGAT	CAACAATTT	CTTATATTGAT	rggtgatgac	GGAAT	: 405
TrCSb6 :							: -
TrCSb7 :							: -
		5.60					
mwachi .	*	560	*	580	*	600	
TrCSb1 :	* CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTG	* AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG	* CACCTTTCCG	GAAGT	: 599
TrCSb2 :	CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG	CCGAGAAAAG( CCGAGAAAAG(	CACCTTTCCG	GAAGT GAAGT	: 475
TrCSb2 : TrCSb3 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG	CCGAGAAAAG( CCGAGAAAAG( CCGAGAAAAG(	CACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	CACCTTTCCG CACCTTTCCG CACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTG/ ATACCCCATTG/ ATACCCCATTG/ ATACCCCATTG/ ATACCCCATTG/ GTCCMATTG/	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AÄGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG	DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG DACCTTTCCG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGGATAGAGG  * GGCATATCTN	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT CCNATTGA	AĞGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG -CGAGAAAAG -CGAGAAAAG	CACCTTTCCG CACCTTTCCG CACCTTTCCG CACCTTTCCG CACTTTTÄ	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT CCNATTGA 620 GTATGGAAATT	AĞGAGTTGG AGGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG *	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG -CGAGAAAAG 640	CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTATC CACTTTTATCC  *	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT CCNATTGA 620 GTATGGAAATTG	AĞGAGTTGG AGGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG * *	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCGAGAAAAAGCCAAAACCAAAACAGTTACAAAACAGTTACAAAACAGTTACAAAACAGTTACAAAACAGTTACAAAACAGTTA	CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTATC  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA  GT - CCMATTGA  620  GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AĞGAGTTGG AGGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTA	CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄ CACACTTTÄ CACACACACACACACACACACACACACACACACACACA	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 : TrCsb7 :  TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCNATTGA 620 GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGAAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAAATCAGTTACAAAAAAAA	ACAGAATGG	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb6 : TrCsb7 : TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCNATTGA 620 GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGAAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAAATCAGTTACAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄTG  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT GAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : -
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 : TrCsb7 :  TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCNATTGA 620 GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGAAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAAATCAGTTACAAAAAAAA	ACAGAATGG	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT GAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb6 : TrCsb7 : TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCNATTGA 620 GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGAAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAAATCAGTTACAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄTG  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT GAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb6 : TrCsb7 : TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCMATTGA GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CCGAGAAAAG CGAGAAAAG CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄTG  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108
TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb6 : TrCsb7 :  TrCsb1 : TrCsb2 : TrCsb3 : TrCsb4 : TrCsb4 : TrCsb5 : TrCsb5 : TrCsb6 : TrCsb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA GT - CCNATTGA 620 GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACACAAAATCAGTTACACAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄTG  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT GAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb5 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GTCTTATCT ATAAT	ATACCCCATTGATACCCCATTGATACCCCATTGATACCCCATTGATACCCCATTGATTG	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCAAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGATTACAAAAATCAGTTACAAAAAAATCAGTTACAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTÄ CC CACGTTTTÄ CC CACGTTTTÄ CC CAAGAATGC CAATGC *	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  * GGCATATCTN GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GTCTTATCT ATAAT  * TGCTATATCTCAGCA	ATACCCCATTGA ATACCACACACACACACACACACACACACACACACACA	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG  * TGCCTTCTG TGCCTTCTG TGCCTTCTG TACCTACTG  * * * * * * * * * * * * * * * * * *	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCAAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAATTACAAAAATTACAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTATC CACAGAATGC CAAGAATGC	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT GAATT T20	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA  620  GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT 630  680  TTCAGCCTTACC	AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTĞCTĞ AĞCTĞ	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCAAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAATCAGTTACAAAAATCAGTTACAAAAATCAGAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTTATC CACAGAATGC CAAGAATGC	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT GGAATT GGAATT GAATT T20	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  *  GGCATATCTQ GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GTCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA  GTATGGAAATTGA GTATGGAAATTGATTGGAAATTGATGGAAATTGATTG	AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGGAGTTGG AGCCTTCTG AGCCTTCTG ACCTTCTG ACC	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAAGCCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCAAAATCAGTTAAAATCAGTTAAAGTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGTTAAATCAGATCACAAAAAAAA	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACAGAATGG CAAGAATGG CATACAATC	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT GAATT TATT TATT TATT	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  *  GGCATATCTQ GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GTCTTATCT ATAAT  *  TGCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA  620  GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT TCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC	AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCTTCTG AĞCTTCTĞ AĞCTTCTG AĞCTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTCTTG AĞCTTTCTTG AĞCTTTCTTTG AĞCT	CCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCCGAGAAAAGCAAAATCAGTTAAAGTAAGT	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTATC CAAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ACAAGAATGG ATACAATCA	GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAAGT GAATT GAATT GAATT TOTAL	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 :	CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG CCTTAGATATAGAGG ATAGAGG  *  GGCATATCTQATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GGCATATCTCATATT GTCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA TGCTATATCTCAGCA	ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA ATACCCCATTGA CONTROL  620  GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAATT GTATGGAAGTT  680  TTCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC TTCAGCCTTACC	AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞGAGTTGG AĞCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCCTTCTG AĞCTTCTG AĞC	CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC CCGAGAAAAGC 640  CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA CAAATCAGTTA TAAGTAAGTTA TTTTGGATCTC CTTTTGGATCTC CTTTTGGATCTC	ACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACCTTTCCC CACAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG CAAGAATGG CAACAATCA CATACAATCA CATACAATCA	GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAAGT GGAATT GGAATT GGAATT GAATT T20 T20 ATGCC	: 475 : 478 : 470 : 465 : 49 : - : 609 : 535 : 538 : 530 : 525 : 108 : 12

		*	740	*	760	_		
TrCSb1	:				760		780	
TrCSb2							:	-
TrCSb3								-
TrCSb4								-
TrCSb5	TCAAGNN-						:	92
TrCSb6	TCARGATGO	CACATCCT	ATGGGGGTCCTA	GTGAATGC	ATAAGCGCTCTH	Teremon	TTCA : 2	28
TrCSb7	TCAAGATG	CACATCCT	ATGGGCGTACTA	GTHAATGC	ATAAGCGCTCT		TICA: 2	30
					d31.11.10MOC1M16	JICIGITI.	IICA : I	30
		*	800	*	820	*	840	
TrCSb1	:							_
TrCSb2				- <b></b>				_
TrCSb3							:	_
TrCSb4							: .	_
TrCSb5	·						:	_
TrCSb6 :	TCCTGACGC	CAATCCT	GCTCTTAGAGGT	CTTGATATA	TACGACTCAAAC	GAAGTGA	GAGA : 2	88
TrCSb7 :	TCCTGATGC	CAAATCCT	GCTCTCAGAGGT	CTTGAČATČ	TACGACTCAAAC TACAACTCAAAC	CAAGTGA	GAGA : 1	90
	•							
TrCSb1 :		*	860	*	880	*	900	
TrCSb1 :							:	_
TrCSb2								-
TrCSb4							:	
TrCSb4 :							:	-
TrCSb6 :	CAAACAAA	77.007.000					· :	-
TrCSb7 :	CAAACAAAI	AGCACGGA	ATTATTGGAAAGA	ATTANAACA	ATTGCTGCTGCA ATTGCTGCTGC	GTTLATCI	TTAG : 34	48
iicsb/:	CAAACAAA	AGD: GCGG	ATTATTGGAAAG <i>I</i>	ATAACAACA	ATTGCTGCTGCG	ATTAATCT	TAG : 25	50
		*	920	*	940	*	960	
TrCSb1 :		*	920	*	940	*	960	
TrCSb1 :		*	- <b></b>		940			_
		*	- <b></b>					-
TrCSb2 :			· •		940			
TrCSb2 : TrCSb3 :							:	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 :	AATGCCAGC	AAGGCCA	CTGTGCTTCCA	CCAACGAA			:	- - -
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 :	AATGCCAGC	AAGGCCA	CTGTGCTTCCA	CCAACGAA			:	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 :	AATGCCAGC	AAGGCCA	CTGTGCTTCCA	CCAACGAA			:	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 :	AATGCCAGC	AAGGCCA(	CTGTGCTTCCAT	'CCAACÇAA 'CCAACAAA	CTATCTTACAC <u>I</u> CTĒTCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	CCT : 40	_
TrCSb2: TrCSb3: TrCSb4: TrCSb5: TrCSb6: TrCSb7:	AATGGCAGG A∭TGGĞAGG	AAGGCCA(	CTGTGCTTCCAT	'CCAACÇAA 'CCAACAAA	CTATCTTACAC <u>I</u> CTĒTCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	CCT : 40	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG A∭TGGĞAGG	AAGGCCAC	CCTGTGCTTCCAT CCTGT∏CTTCCAT	CCAACGAA CCAACAAA * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	CCT : 40	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG	AAGGCCAC	CCTGTGCTTCCAT CCTGTÄCTTCCAT	CCAACGAA CCAACAAA * 1	CTATCTTACAC <u>T</u> CTETCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	CCT : 40	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 :	AATGGCAGG A∭TGGĞAGG	AAGGCCAC	CCTGTGCTTCCAT CCTGTÄCTTCCAT	CCAACAAA*  * 1	CTATCTTACACT CTETCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	CCT : 40	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 :	AATGGCAGG A∭TGGĞAGG	AAGGCCAC	CTGTGCTTCCAT CTGTÄCTTCCAT	CCAACAAA*  * 1	CTATCTTACACT CTTTCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	.020	_
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG	AAGGCCAC	CCTGTGCTTCCAT CTGTTCTTCCAT	CCAACGAA CCAACAAA * 1	CTATCTTACACT CTTTCTTACACA	GAGAACTT GAGAACTT	.020	
TrCSb2 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb6 : TrCSb6 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG	AAGGCCAC	CTGTGCTTCCAT 980	CCAACAAA * 1	CTATCTTACACT	GAGAACTT  * 1	.020	
TrCSb2 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb6 : TrCSb6 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG	AAGGCCAC	CTGTGCTTCCAT 980	CCAACAAA * 1	CTATCTTACACT CTTTCTTACACA	GAGAACTT  * 1	.020	
TrCSb2 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb6 : TrCSb6 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG	AAGGCCAC	CTGTGCTTCCAT 980	CCAACAAA * 1	CTATCTTACACT	GAGAACTT  * 1	.020	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG AJJTGGGAGG ATACATGCT TTACATGCT	AAGGCCAC *  *  TGATTCTE	CTGTGCTTCCAT 980  TAGGCAATCGGT	CCAACCAA CCAACAAA  * 1 CATATAAA CATATAAA	CTATCTTACACT CTTTCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCTAATCCTCGT	GAGAACTT	.020 .020 .020 : 46 .030 : 46	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG AMTGGÄAGG AMACATGCT TTACATGCT	AAGGCCAC  * TGATTCTI TGATTCTC	PETGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT  TÄGGCAATCGGT	CCAACCAA  * 1  CATATAAA  CATATAAA  * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCTAATCCTCGT	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  CTAACTCG	.020 .020 .020 .020 .030 .030 .030 .030	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG A∏TGGĞAGG ATACATGCT ĞTACATGCT	AAGGCCAC  * TGATTCT  TGATTCTC	PCTGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT  TÄGGCAATCGGT	* 1 CATATAAA CATATAAA  * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCEAACCCTCAG	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  CTAACTCG	.020 .020 .020	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG A∏TGGĞAGG ATACATGCT TTACATGCT	AAGGCCAC  *  TGATTCTC  *  1	PETGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT TÄGGCAATCGGT	* 1 CATATAAA  CATATAAA  * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCEAACCCTCAG	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  CTAACTCG		
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :	AATGGCAGG A∏TGGĞAGG ATACATGCT ÜTACATGCT	* TGATTCT	PCTGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT TÄGGCAATCGGT	* 1 CATATAAA CATATAAA  * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCEAACCCTCAG	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  CTAACTCG	.020 .020 .020 : 40 .020 : 31	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb7 :	AATGGCAGG AÜTGGĞAGG AÜTGGĞAGG ATACATGCT ÜTACATGCT	* TGATTCTTTGATTCTC	PCTGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT  TÄGGCAATCGGT	CCAACAAA  * 1 CATATAAA  CATATAAA  * 1	CTATCTTACACT CTATCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCTAATCCTCGT	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  TAACTCG	.020 .020 .020 : 40 .020 : 31	
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb7 :	AATGGCAGG AJJTGGJAGG AJJTGGJAGG ATACATGCT TTACATGCT	AAGGCCAC  * TGATTCTT TGATTCTC	PCTGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT  TÄGGCAATCGGT  .040	CCAACAAA  * 1 CATATAAA  CATATAAA  * 1	CTATCTTACACT CTATCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCTAATCCTCGT	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  TAACTCG		
TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb1 : TrCSb2 : TrCSb3 : TrCSb4 : TrCSb5 : TrCSb6 : TrCSb7 :  TrCSb6 : TrCSb7 : TrCSb7 :	AATGGCAGG AJJTGGJAGG AJJTGGJAGG ATACATGCT TTACATGCT	AAGGCCAC  * TGATTCTT TGATTCTC	PCTGTGCTTCCAT  980  TAGGCAATCGGT  TÄGGCAATCGGT  .040	CCAACAAA  * 1 CATATAAA  CATATAAA  * 1	CTATCTTACACE CTETCTTACACA  000  CCCAACCCTCAG CCEAACCCTCAG	GAGAACTT  * 1  CTAACTCG  TAACTCG		58870

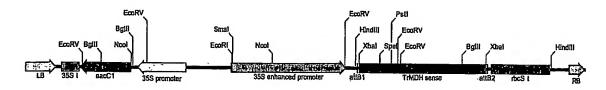
			*	1100	*	1120	*	1140	
	:								-
TrCSb2	:								-
TrCSb3	:								_
TrCSb4	:							:	-
TrCSb5	:	The second second						:	-
TrCSb6	:	GCGACAC	CTTGCA	TCAAGCGGCGT	IGATGTATA	ACTGCTATTGC	TGGGGN	:	579
TrCSb7	:	ACGGCAC	CTTGCA	TCAAGI;GG;IGT	CGATGTATAC	ACTGCTATTGC	TGGAGGTG'	TTGGAGC:	490
			*	1160					
TrCSb1				1160	*	1180	*	1200	
	•							:	-
TrCSb2	:								-
TrCSb4	:							:	-
TrCSb5	:								-
TrCSb6	:							•	
TrCSb7		TCTGTAT	GGACCT			GCGGTCCTTAA		;	550
			30.1001	0110711001001	IOCIMATOMO	GCGGTCCTTAM	MAIGCIGA	FIGHAAI :	550
			*	1220	*	1240			
TrCSb1	:						: -		
TrCSb2	:								
TrCSb3	:								
TrCSb4	:						: -		
TrCSb5	:						: -		
TrCSb6	:						: -		
TrCSb7	:	TGGAAGT	GTCGAT	AACATTCCAGA	GTTCATTGAA	GGTGTTAANN	: 594		• .



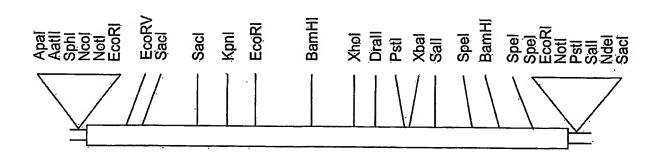
**TrMDH** 

1	GGCCGCGAAT	TCACTAGTGA	TTAAGCAGTG	GTAACAACGC	AGAGTACGCG
51	GGGGTAGGCG	GAGATTTCAA	ACCCAATTTT	CCTCTTAAAT	CTCTCCCAAC
101	TTCTCCTTCC	AATTCCCATT	ACCATTCATT	CCCAGAGGTC	GAGATGGCAG
151	CATCAGCAGC	AGCTACTTTT	ACTATTGGAA	CTGCCCAAAC	AGGGAGGCCA
201	CTTCCTCAAT	CAAACCCTTT	TGGTTTGAAA	GTCAATTCCC	AGGTTAATTT
251	TAAGACCTTC	TCTGGTCTCA	AGGCCATGTC	ATCTCTAAGA	TGCGAGTCTG
301	AATCATCTTT	CTTTGGCAAC	GAAACTAGTG	CTGCTCTGCG	TGCAACTTTT
351	GCACCCAAAG	CTCAAAAGGA	AAACCAAAAC	ATCAACCGCA	ATTTGCATCC
401	TCAGGCATCC	TACAAAGTGG	CGGTTCTTGG	TGCTGCAGGA	GGAATTGGTC
451	AGCCACTGGC	ACTTCTCATT	AAGATGTCGC	CTTTGGTTTC	CGACCTGCAT
501	CTTTATGATA	TCGCGAATGT	TAAGGGAGTT	GCTGCTGATA	TCAGTCATTG
551	CAACACTCCT	TCAAAGGTTT	TGGATTTCAC	AGGTGCTTCT	GAGTTGGCAA
601	ATTGTTTGAA	AGGTGTGGAT	GTAGTTGTTA	TACCTGCTGG	TGTTCCCAGA
651	AAACCTGGCA	TGACTCGTGA	TGACCTTTTC	AACATCAATG	CCGGTATAGT
701	CAGGGACTTG	GTCACCGCTG	TTGCAGATAA	TTGCCCTGGT	GCTTTTATTC
751	ATGTTATCAG	TAACCCGGTG	AACTCTACAG	TTCCTATTGC	TGCTGAAATT
801	CTGAAACAAA	AGGGTGTTTA	TGATCCTAAA	AAGCTCTTTG	GTGTTACTAC
851	ACTTGATGTT	GTGAGGGCAA	ACACATTTGT	TGCTCAGAAA	AAGAACCTGA
901	GGCTGATTGA	TGTAGATGTT	CCTGTTGTTG	GTGGTCATGC	CGGGATTACC
951	ATTCTTCCTC	TTCTGTCAAA	GACAAGACCC	TCAGCAAATT	TCACTGATGA
1001	AGAAATTGAG	GCGCTAACTG	TCAGGATTCA	AAATGCTGGA	ACTGAAGTTG
1051	TTGAGGCCAA	GGCTGGTGCA	GGGTCTGCTA	CTTTGTCAAT	GGCCTATGCA
1101	GCAGCTAGAT	TTGTTGAATC	ATCTCTTCGT	GCGCTTGACG	GTGACGCTGA
1151	TGTGTATGAG	TGCTCATTTG	TACAGTCAGA	TCTGACTGAC	CTTCCGTTTT
1201	TTGCTTCAAG	GGTGAAGATT	GGTAGGAAAG	GAGTCGAGGC	TTTGATTCCA
1251	ACTGATCTCC	AAGGGTTGAG	TGAGTATGAG	CAGAAGGCTT	TGGAAGCACT
1301	TAAACCAGAA	CTTAAGGCTA	GCATTGAAAA	GGGTATTGCT	TTTGCTCAAA
1351	AGCAAACTGT	TTCTGCTTAA	CTTATTTTGT	GAAAGCATAT	ATTCTATACT
1401	CTCTAGCGTC	CATGCGAGAG	AATGTCAATG	GGTGATTTCT	TGGGTTATGG
1451	ATTTATTTGA	GCATGAATAC	TACTTAGAGG	ACTTAGATTG	CAGATTTATG
1501	TAGCATCATT	TACTGCTTCC	AGAACTTATG	ATTTAAATTT	TCCATAGTAT
1551	CATTTCTACT	TACAGATTTG	TTAGTAGAAC	GGGAGGGGCT	TCCATTTCTA
1601	TTCTCTATAT	TGAGCTTTAG	TTTTGATCAG	AAATCTCAAT	AGATTGTTAC
1651	TATCATGTAC	TACTAGAATT	GGAAAAATGT	AAACGTTGCA	TTTTGAATAA
1701	TACTGCCTTT	GGACTAGTTT	GTGTTTCGAA	AAAAAAA	

MAASAAATFT	IGTAQTGRPL	PQSNPFGLKV	NSQVNFKTFS	GLKAMSSLRC
ESESSFFGNE	TSAALRATFA	PKAQKENQNI	NRNLHPQASY	KVAVLGAAGG
IGQPLALLIK	MSPLVSDLHL	YDIANVKGVA	ADISHCNTPS	KVLDFTGASE
LANCLKGVDV	VVIPAGVPRK	PGMTRDDLFN	INAGIVRDLV	TAVADNCPGA
FIHVISNPVN	STVPIAAEIL	KQKGVYDPKK	LFGVTTLDVV	RANTFVAQKK
NLRLIDVDVP	VVGGHAGITI	LPLLSKTRPS	ANFTDEEIEA	LTVRIQNAGT
EVVEAKAGAG	SATLSMAYAA	ARFVESSLRA	LDGDADVYEC	SFVQSDLTDL
PFFASRVKIG	RKGVEALIPT	DLQGLSEYEQ	KALEALKPEL	KASIEKGIAF
AQKQTVSA				
	ESESSFFGNE IGQPLALLIK LANCLKGVDV FIHVISNPVN NLRLIDVDVP EVVEAKAGAG PFFASRVKIG	ESESSFFGNE TSAALRATFA IGQPLALLIK MSPLVSDLHL LANCLKGVDV VVIPAGVPRK FIHVISNPVN STVPIAAEIL NLRLIDVDVP VVGGHAGITI EVVEAKAGAG SATLSMAYAA PFFASRVKIG RKGVEALIPT	ESESSFFGNE TSAALRATFA PKAQKENQNI IGQPLALLIK MSPLVSDLHL YDIANVKGVA LANCLKGVDV VVIPAGVPRK PGMTRDDLFN FIHVISNPVN STVPIAAEIL KQKGVYDPKK NLRLIDVDVP VVGGHAGITI LPLLSKTRPS EVVEAKAGAG SATLSMAYAA ARFVESSLRA PFFASRVKIG RKGVEALIPT DLQGLSEYEQ	IGQPLALLIK MSPLVSDLHL YDIANVKGVA ADISHCNTPS LANCLKGVDV VVIPAGVPRK PGMTRDDLFN INAGIVRDLV FIHVISNPVN STVPIAAEIL KQKGVYDPKK LFGVTTLDVV NLRLIDVDVP VVGGHAGITI LPLLSKTRPS ANFTDEEIEA EVVEAKAGAG SATLSMAYAA ARFVESSLRA LDGDADVYEC PFFASRVKIG RKGVEALIPT DLQGLSEYEQ KALEALKPEL



pPZP221:TrMDH sense



**TrPEPC** 

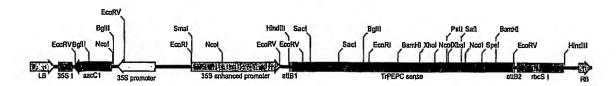
1	GAATTCGATT	AAGCAGTGGT	AACAACGCAG	NGTN CGCGGG	CATAACACTIC
51	TOTALICOALI	CCAAATTTTC	CATCAACGCAG	CONTRACTOR	GAIAACACIG
	TCGTATCTTA				
151	TCCIAICIIA	CAAAATGGAA	ACACGGGIGA	CAAGGAGIGA	ALIGCICCAA
	CAATTAGTAC	CHUTTIGGE	TAMALOGCAL	CAMILGAIGC	ACAGCTTAGA
201	TGCTTTGTTG	THE CAMPAGE	TAGIGAAGAI	GATAAACTTA	TIGAGTATGA
	AGGATCTGAA				
327	GAAAGAAAGC	COLOCACAM	GAAACTIGAA	GAGCTCGGAA	ATTIGATAAC
	AAGTTTAGAT	GCAGGAGATT	CAATTGTTGT	TGCTAAGTCC	TTTTCGCACA
451	AGGRAGA	GGCCAACTTA	GCTGAAGAGG	TTCAGATTGC	TCATCGTCGA
201	AGGAACAAGT	TGAAGAAAGG	AGATTTTAGG	GATGAGAGCA	ATGCAACTAC
221	CGAATCAGAC	ATCGAAGAAA	CTCTTAAGAG	ACTTGTGTTT	AATATGAAGA
00T	AATCTCCTCA	GGAAGTTTTT.	GATGCGTTGA	AGAACCAGAC	CGTTGATTTG
201	GTTCTTACTG	CTCATCCTAC	TCAGTCGGTT	CGTAGGTCGT	TGCTTCAAAA
701	GCATGGAAGG	GTAAGGAACT	GTTTATCTCA	ATTGTATGCT	AAAGACATCA
/2T	CTCCTGATGA	TAAGCAAGAG	CTCGACGAAG	CTCTCCAGAG	GGAGATTCAA
801	GCTGCATTCC	GTACCGATGA	AATCAAGAGG	ACACCTCCAA	CACCACAAGA
82T	TGAGATGAGA	GCAGGGATGA	GTTACTTCCA	CGAAACAATT	TGGAAGGGTG
90T	TCCCTAAATT	TCTTCGCCGT	GTTGATACTG	CGTTGAAGAA	CATAGGGATT
351	AACGAACGTG	TTCCCTATAA	TGCTCCTCTT	ATTCAGTTTT	CTTCATGGAT
1001	GGGGGGTGAT	CGTGATGGTA	ATCCGAGAGT	GACTCCTGAA	GTAACGAGAG
	ATGTTTGCTT				
TIOT	ATTGAAGATC	TTATGTTTGA	ACTGTCTATG	TGGCGTTGCA	ATGATGAGCT
1151	GCGTGATCGC	GCAGAAGAAC	TTCACAGGAA	TTCCAAGAAA	GATGAAGTTG
1201	CAAAACACTA	CATAGAGTTT	TGGAAAAAA	TTCCTTTGAA	TGAACCGTAC
1251	CGTGTTATAC	TTGGTGATGT	AAGGGACAAG	CTCTATCGTA	CTCGTGAGCG
1301	GTCTCGCTAT	CTCTTAGCTC	ATGGCTATTC	TGAAATTCCT	GAGGAAGCCA
1351	CATTCACCAA	TGTTGATGAG	TTCTTGGAAC	CTCTTGAACT	ATGCTACAGA
1401	TCACTCTGTG	CTTGTGGTGA	TCGTGCGGTT	GCCGATGGAA	GCCTTCTTGA
1451	TTTCTTGAGG	CAAGTTTCCA	CTTTTGGACT	GTCACTGGTA	AGACTTGATA
1501	TAAGGCAGGA	GTCAGATCGT	CACACGGACG	TGATGGATGC	CATTACCAAA
1551	CATTTGGAAA	TTGGATCCTA	CCAAGATTGG	TCTGAAGAAA	AACGACAGGA
1601	ATGGCTTTTG	TCTGAGTTGG	TTGGCAAAAG	GCCGCTTTTT	GGACCTGATC
1651	TACCTCAAAC	CGATGAAATT	AGAGAAGTTT	TAGAGACATT	TCATGTCATA
1701	GCAGAACTTC	CATCAGACAA	CTTTGGAGCC	TATATCATTT	CGATGGCAAC
1751	TGCCCCGTCT	GATGTGCTGG	CGGTTGAACT	TCTTCAACGT	GAATGCAAAA
1801	TCAAGAATCC	GTTAAGAGTT	GTTCCATTGT	TTGAGAAACT	TGCTGATCTC
1851	GAGTCTGCTC	CTGCTGCTTT	GGCTCGGTTG	TTTTCGATAG	ACTGGTACAT
1901	AAACCGTATC	GATGGGAAGC	AAGAAGTTAT	GATTGGATAT	TCTGATTCAG
1951	GTAAAGATGC	TGGAAGGTTT	TCTGCCGCAT	GGCAGCTATA	TAAGGCTCAG
2001	GAGGACCTCA	TAAATGTTGC	TCAGAAATAC	GGTGTTAAGC	TAACAATGTT
2051	CCATGGTCGT	GGTGGAACTG	TTGGAAGAGG	AGGTGGACCT	ACTCATCTTG
2101	CTATCTTGTC	TCAACCACCA	GACACAATTC	ACGGATCTCT	TCGTGTGACG
	GTTCAAGGTG				
2201		CAGCGTTTCA			
2251	CCCCAAGTTC	TCCAAAACCG	GAATGGCGTG	AATTGATGGA	TCAGATGGCT
2301	GTCATTGCTA	CCGAGGAGTA	CCGTTCAATT	GTGTTCAAGG	AACCACGTTT
2351	TGTTGAGTAT	TTCCGTCTGG	CCACACCAGA	GATGGAGTAC	GGAAGGATGA
2401	ACATTGGAAG	TCGACCGGCA	AAAAGAAGGC	CATGTGGAGG	CATTGAAACA
2451	CTGCGTGCGA	TACCATGGAT	TTTTGCATGG	ACACAGACAA	GGTTTCATCT
2501	TCCAGTATGG	CTTGGCTTTG	GAGCAGCTTT	TAAACAAGTT	ATTGCGAAGG
2551	ATGTTAAGAA	TCTTCATATG	CTGCAAGAGA	TGTACAATCA	ATGGCCTTTC
2601	TTTAGGGTCA	CTATTGATTT	AGTCGAAATG	GTGTTCGCTA	AGGGTGACCC
2651	TGGTATTGCA	GCCCTGAATG	ATAGGCTACT	AGTTTCTCAG	GATCTTTGGC
2701	CATTTGGGGA	ACAGTTGAGA	AGCAAATATG	AAGAAACTAA	GAAACTCCTA
2751	CTTCAGGTGG	CAACACACAA	GGAAGTTCTT	GAAGGAGATC	CCTACTTGAA
2801	ACAAAGACTC	AGACTCCGTG	ATTCTTACAT	TACAACCCTT	AACGTTTTCC
2851	AAGCATACAC	ATTGAAACGG	ATCCGTGATC	CAAACTATAA	GGTGGAGGTG

2901	CGCCCCCGCG	TATCGAAAGA	ATCTGCTGAA	ACAAGTAAAT	CGGCTGATGA
2951	ACTTGTAACA	TTGAATCCAA	CAAGTGAATA	TGCTCCTGGT	TTGGAAGACA
3001	CACTCATTCT	CACCATGAAG	GGTATTGCTG	CTGGCATGCA	AAACACTGGT
3051	TAATTTTTGG	TGATTTTTTT	CACTTGTATT	TGTTTCTTTT	ATGTTAAGTG
3101	TGTGCTAAGA	TATCATAAAT	ACTAGATGAA	TCTAGTTGCA	AGCACTTCAA
3151	GTGAGTGCTT	TTTTTTTCT	TTTTCCTTTT	CCTTTTTCAT	AAGAAACTCA
3201	CATCAGGTTT	TGTTGATGTT	TTTCCTTACT	TTGTTACCAT	ACAAACGAGT
3251	TAATGCAATT	GATGTTATGT	TTCAATGCAT	AGATTTTATC	TCCTTTCTTC
		AAAAAAAAA			
3351	CTGCTTAATC	ACTAGTGAAT	TC		

### 220/241

1	MATNKMEKMA	SIDAQLRQLV	PAKVSEDDKL	IEYDALLLDR	FLDILQDLHG
51	EDLKDSVQEV	YELSAEYERK	HDPKKLEELG	NLITSLDAGD	SIVVAKSFSH
101	MLNLANLAEE	VQIAHRRRNK	LKKGDFRDES	NATTESDIEE	TLKRLVFNMK
151	KSPQEVFDAL	KNQTVDLVLT	AHPTQSVRRS	LLQKHGRVRN	CLSQLYAKDI
201	TPDDKQELDE	ALQREIQAAF	RTDEIKRTPP	TPQDEMRAGM	SYFHETIWKG
251	VPKFLRRVDT	ALKNIGINER	VPYNAPLIQF	SSWMGGDRDG	NPRVTPEVTR
301	DVCLLARMMA	ANLYYSQIED	LMFELSMWRC	NDELRDRAEE	LHRNSKKDEV
351	AKHYIEFWKK	IPLNEPYRVI	LGDVRDKLYR	TRERSRYLLA	HGYSEIPEEA
401	TFTNVDEFLE	PLELCYRSLC	ACGDRAVADG	SLLDFLRQVS	TFGLSLVRLD
451	IRQESDRHTD	VMDAITKHLE	IGSYQDWSEE	KRQEWLLSEL	VGKRPLFGPD
501	LPQTDEIREV	LETFHVIAEL	PSDNFGAYII	SMATAPSDVL	AVELLQRECK
551	IKNPLRVVPL	FEKLADLESA	PAALARLFSI	DWYINRIDGK	QEVMIGYSDS
601	GKDAGRFSAA	WQLYKAQEDL	INVAQKYGVK	LTMFHGRGGT	VGRGGGPTHL
651	AILSQPPDTI	HGSLRVTVQG	EVIEQSFGEE	HLCFRTLQRF	TAATLEHGMR
701	PPSSPKPEWR	ELMDQMAVIA	TEEYRSIVFK	EPRFVEYFRL	ATPEMEYGRM
751	NIGSRPAKRR	PCGGIETLRA	IPWIFAWTQT	RFHLPVWLGF	GAAFKQVIAK
801	DVKNLHMLQE	MYNQWPFFRV	TIDLVEMVFA	KGDPGIAALN	DRLLVSQDLW
851	PFGEQLRSKY	EETKKLLLQV	ATHKEVLEGD	PYLKQRLRLR	DSYITTLNVF
901	QAYTLKRIRD	PNYKVEVRPR	VSKESAETSK	SADELVTLNP	TSEYAPGLED
951	TLILTMKGIA	AGMQNTG			

# FIGURE 111



pPZP221:TrPEPC sense



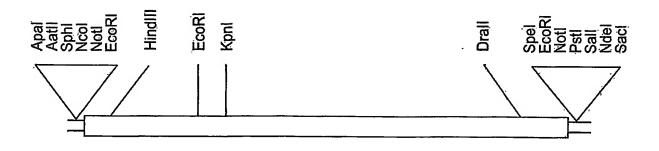
**TrCSa** 

_		_			
1	GAATTCGATT	AAGCAGTGGT	AACAACGCAG	AGTACGCGGG	GAGCACAACA
51	TTACGTTAAT	TACATTTTCT	CTTTCGCCAT	TGTTCTTTCT	CTTCTCAATA
101	TAAAGACCAA	TTCAATTCCC	AATTCTTTTG	GATCCGAAAT	CATTCATTCT
151	ACGCTTCTTC	TCTCTTCTCT	GCGTTTCAAA	CCCTAGTTGT	TTTGTTGATT
201	GATCTTAATG	GCGTTCTTTC	GAAGCGTTTC	TGCGCTTTCA	AAACTACGAT
251	CTCGTGTGGG	TCAACAACCT	AGTCTTGCTA	ATTCAGTTAG	ATGGCTCCAA
301	ACTCCAAGCT	CCAGTAACAC	TGATCTTTAT	TCTGAGATGA	AGGAGCTAGT
351	TCCAGAGTAT	CAGGAACGTG	TTAAGAAGTT	GAAGAAAGAC	CATGGAAGTG
401	TTGAATTGGG	AAAAATCACA	GCTGATATGG	TACTTGGTGG	AATGAGAGGA
451	ATGACTGCTT	TAGTGTGGCT	AGGCTCAGCT	GTTGACCCAG	ATGAGGGAAT
501	TCGCTTTAGG	GGCATGACAA	TTCCTGACTG	CCAGAAAACA	CTTCCAGGTG
551	CTTTTCCTGG	TGGGGAGCCT	TTGCCCGAGG	CTATACTGTG	GCTTCTATTG
601	ACCGGAAAGG	TACCAAGTAA	AGAGCAAGTA	GATTCATTAG	CTCACGAATT
651	GCGAAGTCGT	GCAAAAATCC	CAGAGTATGC	TTACAAGGCA	ATTGATGCAC
701	TGCCTGTTTC	TGCTCATCCA	ATGACACAAT	TTAGTACTGG	TGTAATGGCC
751	CTCCAGGTGG	AGAGTGAGTT	TACAAAGGCA	TACGAGGGTG	GGATACATAA
801	GTCAAGGTAT	TGGGAGCCAA	CTTATGAGGA	TAGCTTGAAT	TTAATTGCTC
851	GTTTGCCTGG	AATTGCTGCC	TATATTTATC	GACGGATATA	CAAGGATGGA
901	AAAATCATAC	CATTGGATGA	TTCTTTGGAT	TATGGTGCAA	ACTATGCTCA
951	CATGTTAGGA	TTTGATGATC	CAGAAACGCT	GGAGTTTATG	AGGCTGTATA
1001	TTTCTATCCA	TAGTGATCAT	GAAGGTGGCA	ACGTTAGTTC	TCACACAGCT
1051	CACCTAGTTG	CTAGTTCACT	ATCAGATCCT	TATCTTGCAT	TCGCAGCTGC
1101	TCTGAATGGT	TTAGCTGGCC	CACTGCATGG	TTTAGCCAAT	CAGGAAGTTC
1151	TACGATGGAT	CAGAAACATA	GTTAAGGAGT	TTGGAACTCC	AAACATAAGT
1201	ACAGAACAAT	TGAGCGACTA	CATTCATAAA	ACATTGAACA	GTGGCCAGGT
1251	TGTGCCTGGA	TATGGACATG	GAGTTTTGCG	CAATACAGAC	CCAAGATACA
1301	CTTGCCAGAG	GGAGTTTGCA	TTGAAGCATT	TGCCTAATGA	TCCACTTTTC
1351	CAGCTGGTGT	CCAAAATTAA	AGAAGTCGTG	CCTCCCATTC	TGACCAAGTT
1401	AGGAAAGGTT	AAAAATCCAT	GGCCTAATGT	TGATGCTCAT	AGTGGAGTAC
1451	TACTAAACTA	CTATGGTCTA	ACTGAAGAAA	ACTATTATAC	CGTTCTTTTT
1501	GGTGTCGCGA	GGAGTATTGG	AGTTGGCCCT	CAGCTGATAT	GGGACCGTGC
1551	TCTTGGAATG	CCACTTGAAA	GGCCAAAAAG	TGTCACACTG	GAGAAACTTG
1601	AGAAACTGGT	CGGCGCATCG	TCCTAAAATT	GAAAGCGCGG	TTATCTGTGG
1651	ATTACTAAAA	TACACTCTGC	GGTTGTAGGT	TGTTGGTAAC	TCTAAACATT
1701	TGGTGCAATT	GCAATGAGAA	ATATTTTGCC	CAAATCCCCC	TTCCCTTATT
1751	TTTCTGGTTG	TTTTGTCAGC	ATTTTTTGAT	TGAGGAGATT	TTGGTATTTA
1801	GGAAAAGGGT	GGGATTATCA	CCCTCACAGT	TGTCTTTCCA	TTTTTCTACA
1851	CAGCATAAAT	TAGGTCCCAA	GGGAGCATCA	GAATAAAGGC	ATTATGTTTT
1901	GGGGGTAATC	CCTCTGTATT	CTTTCTAAAT	AGGATTGACC	CCTTTGACAA
1951	AAAATACAAA	TTATCAATAT	CACTCGTCTA	CTTGAAGATT	CGACTAAAAA
2001	AAAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAGTACT	CTGCGTTGTT	ACCACTGCTT
2051	AATCACTAGT	GAATTC			

1	MAFFRSVSAL	SKLRSRVGQQ	PSLANSVRWL	QTPSSSNTDL	YSEMKELVPE
51	YQERVKKLKK	DHGSVELGKI	TADMVLGGMR	GMTALVWLGS	AVDPDEGIRF
101	RGMTIPDCQK	TLPGAFPGGE	PLPEAILWLL	LTGKVPSKEQ	VDSLAHELRS
151	RAKIPEYAYK	AIDALPVSAH	PMTQFSTGVM	ALQVESEFTK	AYEGGIHKSR
201	YWEPTYEDSL	NLIARLPGIA	AYIYRRIYKD	GKIIPLDDSL	DYGANYAHML
251	GFDDPETLEF	MRLYISIHSD	HEGGNVSSHT	AHLVASSLSD	PYLAFAAALN
301	GLAGPLHGLA	NQEVLRWIRN	IVKEFGTPNI	STEQLSDYIH	KTLNSGQVVP
351	GYGHGVLRNT	DPRYTCQREF	ALKHLPNDPL	FQLVSKIKEV	VPPILTKLGK
401	VKNPWPNVDA	HSGVLLNŸYG	LTEENYYTVL	FGVARSIGVG	PQLIWDRALG
451	MPLERPKSVT	LEKLEKLVGA	SS ·		



pPZP221:TrCSa sense



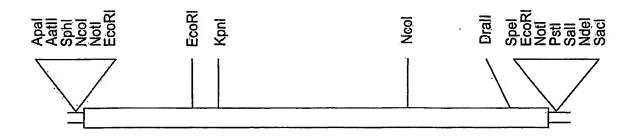
**TrCSb** 

1	GAATTCGATT	AAGCAGTGGT	AACAACGCAG	AGTACGCGGG	GAGCACAACA
51	TTACGTTAAT	TACATTTTCT	CTTTCGCCAT	TGTTCTTTCT	CTTCTCAATA
101	TAAAGACCAA	TTCAATTCCC	AATTCTTTTG	GATCCGAAAT	CATTCATTCT
151	ACGCTTCTTC	TCTCTTCTCT	GCGTTTCAAA	CCCTAGTTGT	TTTGTTGATT
201	GATCTTAATG	GCGTTCTTTC	GAAGCGTTTC	TGCGCTTTCA	AAACTACGAT
251	CTCGTGTGGG	TCAACAACCT	AGTCTTGCTA	ATTCAGTTAG	ATGGCTCCAA
301	ACTCCAAGCT	CCAGTAACAC	TGATCTTTAT	TCTGAGATGA	AGGAGCTAGT
351	TCCAGAGTAT	CAGGAACGTG	TTAAGAAGTT	GAAGAAAGAC	CATGGAAGTG
401	TTGAATTGGG	AAAAATCACA	GCTGATATGG	TACTTGGTGG	AATGAGAGGA
451	ATGACTGCTT	TAGTGTGGCT	AGGCTCAGCT	GTTGACCCAG	ATGAGGGAAT
501	TCGCTTTAGG	GGCATGACAA	TTCCTGACTG	CCAGAAAACA	CTTCCAGGTG
551	CTTTTCCTGG	TGGGGAGCCT	TTGCCCGAGG	CTATACTGTG	GCTTCTATTG
601	ACCGGAAAGG	TACCAAGTAA	AGAGCAAGTA	GATTCATTAG	CTCACGAATT
651	GCGAAGTCGT	GCAAAAATCC	CAGAGTATGC	TTACAAGGCA	ATTGATGCAC
701	TGCCTGTTTC	TGCTCATCCA	ATGACACAAT	TTAGTACTGG	TGTAATGGCC
751	CTCCAGGTGG	AGAGTGAGTT	TACAAAGGCA	TACGAGGGTG	GGATACATAA
801	GTCAAGGTAT	TGGGAGCCAA	CTTATGAGGA	TAGCTTGAAT	TTAATTGCTC
851	GTTTGCCTGG	AATTGCTGCC	TATATTTATC	GACGGATATA	CAAGGATGGA
901	AAAATCATAC	CATTGGATGA	TTCTTTGGAT	TATGGTGCAA	ACTATGCTCA
951	CATGTTAGGA	TTTGATGATC	CAGAAACGCT	GGAGTTTATG	AGGCTGTATA
1001	TTTCTATCCA	TAGTGATCAT	GAAGGTGGCA	ACGTTAGTTC	TCACACAGCT
1051	CACCTAGTTG	CTAGTTCACT	ATCAGATCCT	TATCTTGCAT	TCGCAGCTGC
1101	TCTGAATGGT	TTAGCTGGCC	CACTGCATGG	TTTAGCCAAT	CAGGAAGTTC
1151	TACGATGGAT.	CAGAAACATA	GTTAAGGAGT	TTGGAACTCC	AAACATAAGT
1201	ACAGAACAAT	TGAGCGACTA	CATTCATAAA	ACATTGAACA	GTGGCCAGGT
1251	TGTGCCTGGA	TATGGACATG	GAGTTTTGCG	CAATACAGAC	CCAAGATACA
1301	CTTGCCAGAG	GGAGTTTGCA	TTGAAGCATT	TGCCTAATGA	TCCACTTTTC
1351	CAGCTGGTGT	CCAAAATTAA	AGAAGTCGTG	CCTCCCATTC	TGACCAAGTT
1401	AGGAAAGGTT	AAAAATCCAT.	GGCCTAATGT	TGATGCTCAT	AGTGGAGTAC
1451	TACTAAACTA	CTATGGTCTA	ACTGAAGAAA	ACTATTATAC	CGTTCTTTTT
1501	GGTGTCGCGA	GGAGTATTGG	AGTTGGCCCT	CAGCTGATAT	GGGACCGTGC
1551	TCTTGGAATG	CCACTTGAAA	GGCCAAAAAG	TGTCACACTG	GAGAAACTTG
1601	AGAAACTGGT	CGGCGCATCG	TCCTAAAATT	GAAAGCGCGG	TTATCTGTGG
1651	ATTACTAAAA	TACACTCTGC	GGTTGTAGGT	TGTTGGTAAC	TCTAAACATT
1701	TGGTGCAATT	GCAATGAGAA	ATATTTTGCC	CAAATCCCCC	TTCCCTTATT
1751	TTTCTGGTTG	TTTTGTCAGC	ATTTTTTGAT	TGAGGAGATT	TTGGTATTTA
1801	GGAAAAGGGT	GGGATTATCA	CCCTCACAGT	TGTCTTTCCA	TTTTTCTACA
1851	CAGCATAAAT	TAGGTCCCAA	GGGAGCATCA	GAATAAAGGC	ATTATGTTTT
1901	GGGGGTAATC	CCTCTGTATT	CTTTCTAAAT	AGGATTGACC	CCTTTGACAA
1951	AAAATACAAA	TTATCAATAT	CACTCGTCTA	CTTGAAGATT	CGACTAAAAA
2001	ААААААААА	AAAAAAAAA	AAAAAGTACT	CTGCGTTGTT	ACCACTGCTT
2051	AATCACTAGT	GAATTC			

1	MAFFRSVSAL	SKTRSKAGÖÖ	PSLANSVRWL	QTPSSSNTDL	YSEMKELVPE
51	YQERVKKLKK	DHGSVELGKI	TADMVLGGMR	GMTALVWLGS	AVDPDEGIRE
101	RGMTIPDCQK	TLPGAFPGGE	PLPEAILWLL	LTGKVPSKEQ	VDSLAHELRS
151	RAKIPEYAYK	AIDALPVSAH	PMTQFSTGVM	ALQVESEFTK	AYEGGIHKSF
201	YWEPTYEDSL	NLIARLPGIA	AYIYRRIYKD	GKIIPLDDSL	DYGANYAHMI
251	GFDDPETLEF	MRLYISIHSD	HEGGNVSSHT	AHLVASSLSD	PYLAFAAALN
301	GLAGPLHGLA	NQEVLRWIRN	IVKEFGTPNI	STEQLSDYIH	KTLNSGQVVI
351	GYGHGVLRNT	DPRYTCQREF	ALKHLPNDPL	FQLVSKIKEV	VPPILTKLG
401	VKNPWPNVDA	HSGVLLNYYG	LTEENYYTVL	FGVARSIGVG	PQLIWDRALO
451	MPLERPKSVT	LEKLEKLVGA	SS		



pPZP221:TrCSb sense



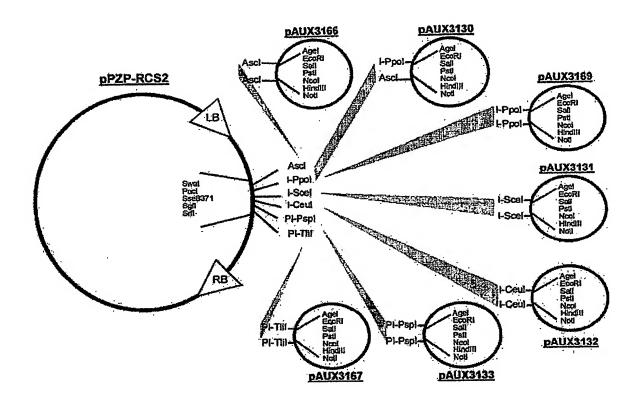
**TrCSd** 

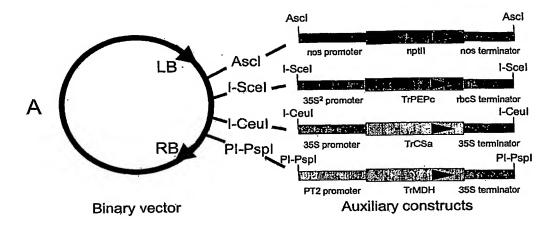
-	~~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~				
1	GAATTCGATT		AACAACGCAG		GATCCGAAAT
51	CATTCATTCT	ACTTTTCAAC	CTGTTGTTTT	GTTGATTGAT	CTAAATGGCG
101	TTCTTTCGAA	GCGTTTCTGC	GCTTTCAAAA	CTACGATCTC	GTGTGGGTCA
151	ACAACCTAGT	CTTGCTAATT	CAGTTAGATG	GCTCCAAACT	CCAAGCTCCA
201	GTAACACTGA	TCTTTATTCT	GAGATGAAGG	AGCTAGTTCC	AGAGTATCAG
251	GAACGTGTTA	AGAAGTTGAA	GAAAGACCAT	GGAAGTGTTG	AATTGGGAAA
301	AATCACAGCT	GATATGGTAC	TTGGTGGAAT	GAGAGGAATG	ACTGCTTTAG
351	TGTGGCTAGG	CTCAGCTGTT	GACCCAGATG	AGGGAATTCG	CTTTAGGGGC
401	ATGACAATTC	CTGACTGCCA	GAAAACACTT	CCAGGTGCTT	TTCCTGGTGG
451	GGAGCCTTTG	CCCGAGGCTA	TACTGTGGCT	TCTATTGACC	GGAAAGGTAC
501	CAAGTAAAGA	GCAAGTAGAT	TCATTAGCTC	ACGAATTGCG	AAGTCGTGCA
551	AAAATCCCAG	AGTATGCTTA	CAAGGCAATT	GATGCACTGC	CTGTTTCTGC
601	TCATCCAATG	ACACAATTTA	GTACTGGTGT	AATGGCCCTC	CAGGTGGAGA
651	GTGAGTTTAC	AAAGGCATAC	GAGAGTGGGA	TACATAAGTC	AAGGTATTGG
701	GAGCCAACTT	ATGAGGATAG	CTTGAATTTA	ATTGCTCGTT	TGCCTGGAAT
751	TGCTGCCTAT	ATTTATCGAC	GGATATACAA	GGATGGAAAA	ATCATACCAT
801	TGGATGATTC	TTTGGATTAT	GGTGCAAACT	ATGCTCACAT	GTTAGGATTT
851	GATGATCCAG	AAACGCTGGA	GTTTATGAGG	CTGTATATTT	CTATCCATAG
901	TGATCATGAA	GGTGGCAACG	TTAGTTCTCA	CACAGCTCAC	CTAGTTGCTA
951	GTTCACTATC	AGATCCTTAT	CTTGCATTCG	CAGCTGCTCT	GAATGGTTTA
1001	GCTGGCCCAC	TGCATGGTTT	AGCCAATCAG	GAAGTTCTAC	GATGGATCAG
1051	AAACATAGTT	ACGGAATTTG	GAACTCCAAA	CATAAGTACA	GAACAATTGA
1101	GCGACTACAT	TCATAAAACA	TTGAACAGTG	GCCAGGTTGT	GCCTGGATAT
1151	GGACATGGAG	TTTTGCGCAA	TACAGACCCA	AGATACACTT	
1201	GTTTGCATTG	AAGCATTTGC	CTAATGATCC	ACTTTTCCAG	CTGGTGTCCA
1251	AAATTAAAGA	AGTCGTGCCT	CCCATTCTGA	CCAAGTTAGG	AAAGGTTAAA
1301	AATCCATGGC	CTAATGTTGA	TGCTCATAGT	GGAGTACTAC	TAAACTACTA
1351	TGGTCTAACT	GAAGAAAACT	ATTATACCGT	TCTTTTTGGC	GTCGCGAGGA
1401	GTATTGGAGT	TGGCCCTCAG	CTGATATGGG	ACCGTGCTCT	TGGAATGCCA
1451	CTTGAAAGGC	CAAAAAGTGT	CACACTGGAG	AAACTTGAGA	AACTCGTCGG
1501	TGCATCATCC	TAAAATTGAA	AGCACAGTTA	CCTCTGGATT	ACTAAAATAC
1551	ACACTGCGGT	TGTAGGTTGT	TGGTAACTCG	AAACATTTGG	TGCAATTGCA
1601	ATGAGAAATA	TTCGTTGCCC	ACATCCCCTT	CCCTTATTTT	TCTGGTTGTT
1651	TTGTCAGCAT	TTTTTGATTG	AGAAGATTTT	GGTATTTAGG	AAAGGGTGGG
1701	ATTATCACCC	TCACAGTTGT	CTTTCCATTT	TTCTACACAG	CATAAATTAG
1751	GTCCCAAGGG	AGCATCAGAA	TAAAGGCATT	ATGTTTTGGG	GGTAATCCCC
1801	CTGTATTCTT	TCTAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAA	AAAAGTACTC
1851	TGCGTTGTTA	CCACTGCTTA	ATCACTAGTG	AATTC	

1	MAFFRSVSAL	SKLRSRVGQQ	PSLANSVRWL	QTPSSSNTDL	YSEMKELVPE
51	YQERVKKLKK	DHGSVELGKI	TADMVLGGMR	GMTALVWLGS	AVDPDEGIRF
101	RGMTIPDCQK	TLPGAFPGGE	PLPEAILWLL	LTGKVPSKEQ	VDSLAHELRS
151	RAKIPEYAYK	AIDALPVSAH	PMTQFSTGVM	ALQVESEFTK	AYESGIHKSR
201	YWEPTYEDSL	NLIARLPGIA	AYIYRRIYKD	GKIIPLDDSL	DYGANYAHML
251	GFDDPETLEF	MRLYISIHSD	HEGGNVSSHT	AHLVASSLSD	PYLAFAAALN
301	GLAGPLHGLA	NQEVLRWIRN	IVTEFGTPNI	STEQLSDYIH	KTLNSGQVVP
351	GYGHGVLRNT	DPRYTCQREF	ALKHLPNDPL	FQLVSKIKEV	VPPILTKLGK
401	VKNPWPNVDA	HSGVLLNYYG	LTEENYYTVL	FGVARSIGVG	PQLIWDRALG
451	MPLERPKSVT	LEKLEKLVGA	SS	•	



pPZP221:TrCSd sense



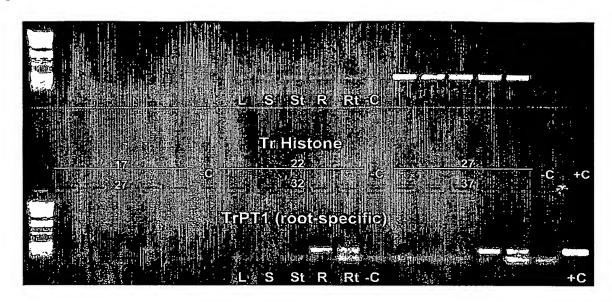




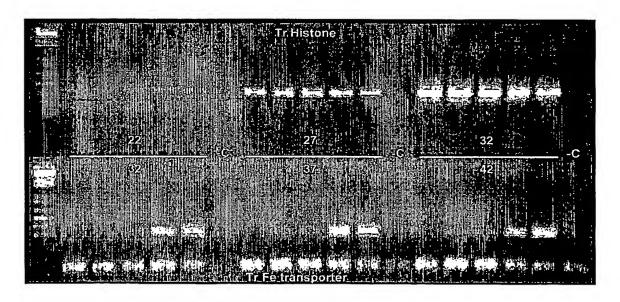
Binary vector construct

## 236/241

Α

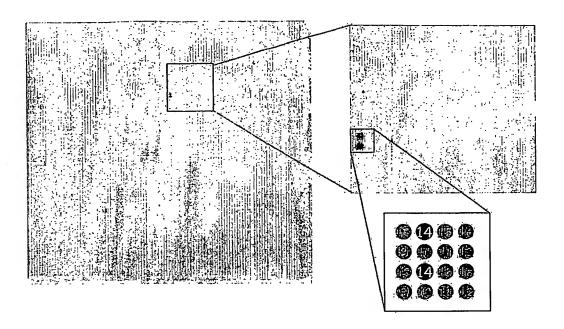


В

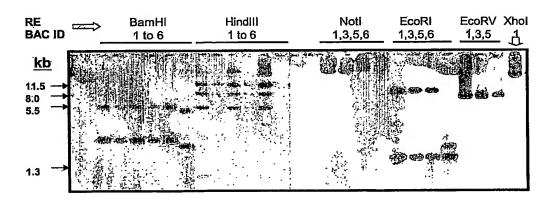


#### 237/241

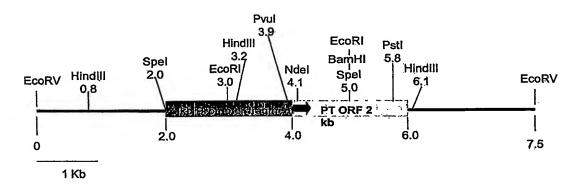
Α



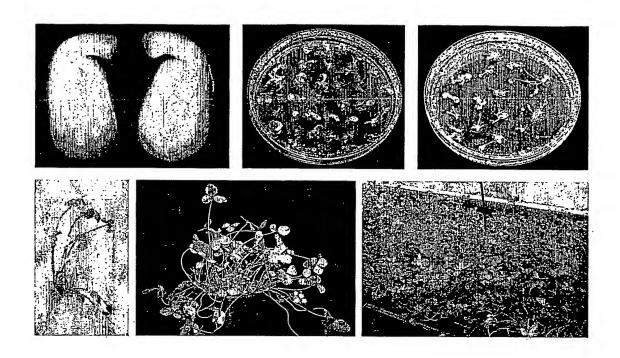
В



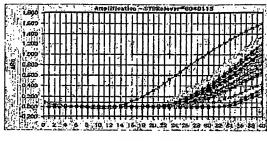
C



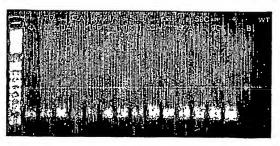
**FIGURE 128** 



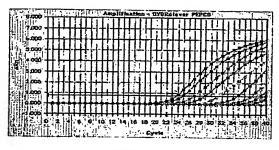
**FIGURE 129** 



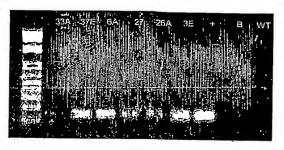
**QPCR** plots



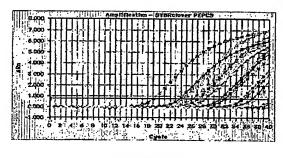
**QPCR Result** 

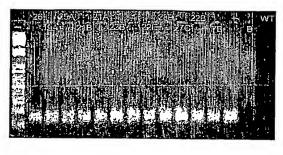


**QPCR** plots



**QPCR Result** 





QPCR plots

**QPCR Result**